





```

alignment_scores:
  Quality: 115.50
  Ratio: 0.693
  Percent Similarity: 36.188
  Percent Identity: 23.126

alignment_block:
  US-09-303-518D-131 x US-09-413-814-78
  ..

Align seg 1/1 to: US-09-413-814-78 from: 1 to: 882

199 CGAAGATATGTCGGCATCGGCCCTCGATGAATAATCAAGGAAGTGAAG 148
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
408 ArgArgLeuAlaArgArgAspProGlyAspValProAspProArgAlaAla 424
149 CGGTCAAAAAGGCCAAGTCTGCTTTTGAAGACAAAAAGAAATCGGGCGTGA 198
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
424 aArgArgArgAlaProAlaAlaGlyAlaLeuProGlyAlaAspGlyArgG 441
199 GTATTTACTCGCGCGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTTCACGTTGGCGA 248
::: ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
441 lyAlaArgGlyProGly.....ArgArgArgAlaProArgArg 453
249 AAAGCGGTACTTTCAGTCTAGTCTGATGTCGCTTGAAGCAACGAGGAA 298
||| ::: ||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
454 GlyAlaAlaAlaArgValProProAspArgAlaAspProProArgArgPr 470
299 TCGAGTTCGACGCTACGTACCTGAGCGCCT..... 329
470 oAlaProAlaValValArgAlaAlaProAlaValValArgSerAlaA 487
330 .....GGC 332
487 rgAlaGlyGlnProGlyValGlnHisProValArgGlyAlaArgAspGly 503
333 AAAATTGACAGCGGAAAAAGTGCGCCGCAACTGATTCATCAGCGCTTAT 382
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
504 ProAlaAlaArgArgAlaProProGlnProValArgAspArgAlaAla 520
383 GGACTCGCTTCGCGCCCTCGTTCGACCAAAAT.....C 417
520 aProArgGlyAlaAlaAspValGlnArgGlnGlyArgArgAlaValP 537
418 CTTGCGGTAGATCGCAGCGGTTCGCCCATCTTCGTCATCGATGGACAC 467
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
537 roGlyArgArgAlaArgGlyProGlyAlaValProAspValArgProArg 553
468 CAATCGCTGGCTGCGGCCCTACCGTTCATCATCAAGAAGCCGCCGAAG 517
||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
554 AlaProArgGlyArgGlyProArgArgGlyGlyLeuGlyAlaArgProAr 570
518 ACTTCAAAACGCGCGCTGTGGTATTGACCG.....CCTGACCGAA 558
|: ||| ||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
570 gGlyGluProArgAlaValArgProGluProArgAlaAlaProProArgA 587
559 CGTAAATCCATGTGTAAAGCAGCGGCGACGCTGCGCTCTGAAAA 608

```

```

seq_documentation_block:
; Sequence 18, Application US/09081345
; Patent No. 6228641
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Bahija Jallal
; APPLICANT: Gregory D. Plowman
; TITLE OF INVENTION: DIAGNOSIS AND TREATMENT OF
; TITLE OF INVENTION: P1P04 RELATED DISORDERS
; NUMBER OF SEQUENCES: 18
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Lyon & Lyon
; STREET: 633 West Fifth Street
; CITY: Los Angeles
; STATE: California
; COUNTRY: U.S.A.
; ZIP: 90071-2066
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: 3.5" Diskette, 1.44 Mb
; MEDIUM TYPE: storage
; COMPUTER: IBM Compatible
; OPERATING SYSTEM: IBM P.C. DOS 5.0
; SOFTWARE: FastSeq for Windows 2.0
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/09/081,345
; FILING DATE: Herewith
; CLASSIFICATION:
; PRIORITY APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 60/047,222
; FILING DATE: May 20, 1997
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Warburg, Richard J.
; REGISTRATION NUMBER: 32,327
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 234/253
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (213) 489-1600
; TELEFAX: (213) 955-0440
; TELEX: 67-3510
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 18:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 802 amino acids
; TYPE: amino acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: peptide
; US-09-081-345-18

alignment_scores:
Quality: 112.00 Length: 351
Ratio: 0.622 Gaps: 20
Percent Similarity: 51.282 Percent Identity: 24.501

alignment_block:
US-09-303-518d-131/rev x US-09-081-345-18 ..
Align seg 1/1 to: US-09-081-345-18 from: 1 to: 802

955 GTCCCAATAATCAT...GCGCGCTGTGCAATCGCACCGCTTCAATACC 909
297 IISerAspAsnHisLeuGlyArgGluIleGlnAlaGlnCysSerIlePr 313
908 GAACCGG.....AAATCACCGCGGTGTCCGCGTCAACCAATTC 871
313 oGluGlnSerLeuThrValGluAlaAspSerCysProLeuAspLeuProL 330
870 GCCGG.....CGTAACTTGAGACACCTTCG...CACCCAAAACGGTAC 830
330 ysAsnAlaMetArgAspValLysThrThrAsnGlnHisSerLysGlnGly 346
829 GCAAGAGCGCGGTGTGTGACTTGCAGCGCGCCCAAGGCAACCAACCGCG 780
347 Ala.GluAlaGlu.....SerThrGlySerSerL 357

779 TCGGTATTTCAGACGGCTGTTACGAACAACAGTCCGATAGCAATCAGTC 730
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
357 euGlyLeuArgThrSer.....ThrMetAsnAlaGluGluGlu 369
729 TTGATAATTGATGTCACACGCGTATTTCGCGCCCGACCTGGCTCGATGA 680
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
370 LeuValLeuHisSerAlaLysSerSerProSerPheAsnCysLeu...G1 385
679 AATGAATGTGCGTCCC.....ACTCAAGCGCGCAGGA 648
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
385 uLeuAsnCysGlyCysAsnAsnLysAlaValIleThrArgAsnGlyGlnA 402
647 TCGCGCGCGCC.....AAATTCATGTGTTTC 622
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
402 laArgAlaSerProValValGlyGluProLeuGlnLysTyrGlnSerLeu 418
621 GATATGCGCAGCATTTTCAGACGCGCAGTGTGCGCCCTGCTGCTTTACACA 572
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
419 AspPheGlySerMetLeu.PheGly...SerCysProSerAlaLeuPro. 433
571 CATGGATTTTACGTCGCGTACGCGGCTCAATACCAACAGCGCG..... 528
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
434 .....IleAsnThrAlaAspArgTyrHisAsnSerLysGlyProValLys 448
527 CGTTTGAAGTCTTCGCGCGCTTCTTTGATG..... 498
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
449 ArgThrLysSerThrProPheGluLeuIleGlnArgLysThrAsnAs 465
497 .ATGACCGTAGGTCGCGCAGCGGATTTGGTGCC..... 462
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
465 pleuAlaValGlyAspGlyPheSerCysLeuGluSerGlnLeuHisGluH 482
461 .....ATCGCATTTGACGAAGATGGGACGCGCTCGGCA 429
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
482 istyrSerLeuArgGluLeuGlnValGlnArgValAlaHisValSer 498
428 TCTACGGCAGGATTTTGTGTAACGCGCGGTGCGAAGCGCAGTC..... 384
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
499 GluGluLeuAsnTyrSerLeuProGlyAlaCysAspAlaSerCysValPr 515
383 ....CATAGCCTGATTGAATCAGGTTCGCGCGCACTTTTCGCTGCTCA 338
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
515 oArgHisSerProGlyAlaLeuArgValHisLeuTyrThrSerLeuAlaG 532
337 ATTTTCCAGCGCTTCAGGTACGTAGCGGTTCGAACTCGATTTCGCTGTTG 288
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
532 luAspProTyrPheSer.....SerSerPro 540
287 CCTTCAACGCGCAATCAGACTGACTGACGCGCTTTTCGCCACGCTG 238
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
541 ProAsnSerAla.....AspSerLysMetSerPheAsp..... 551
237 AATAGCGCGATTTTCCTGAACGCGCGCAGTAAATACTAGCGCGGAT 188
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
552 .....LeuProGluLysGlnAspGlyAlaThrSerProGlyA 564
187 TCTTTTGTCTTCAACACGCACTTGGCCCTTTTTCGCGCTTCACCTTCC 138
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
564 laLeuLeuProAlaSerSerThrThrSerPhePheTyrSerAsnProHis 580
137 TTGATTTTCATCGAGGGCGCATGCGACATATTTCTCCGCCAAGCAACGC 88
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
581 AspSerLeuValMetAsnThrLeuThrSerPheSerProLeuAsnG1 597
87 GACTTCGGTAATGCGCGCGCTCATAAATGACTTGTCTCCGCTTCGCCCC 39
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
597 nGluThrAlaValGluAlaProSerArgArgThrAspAspGluIlePro 613
seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/6B_COMB.pep:US-09-156-836B-2
seq_documentation_block:
; Sequence 2, Application US/09156836B

```

```
; Patent No. 6242585
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Srivastava, Ranjana
; APPLICANT: Kumar, Deepak
; APPLICANT: Srivastava, Brahm Shanker
; TITLE OF INVENTION: MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS SPECIFIC DNA FRAGMENT
; FILE REFERENCE: U 011876-4
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/156,836B
; PRIOR FILING DATE: 1998-09-18
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 08/997,897
; PRIOR FILING DATE: 1997-12-24
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 7
; SOFTWARE: PatentIn ver. 2.0
; SEQ ID NO 2
; LENGTH: 430
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Mycobacterium tuberculosis
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (4)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (6)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (20)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (29)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (54)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (64)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (69)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (114)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (119)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (129)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (159)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (169)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (182)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (185)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (219)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (259)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
```

```
; LOCATION: (269)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (291)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (323)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (339)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (349)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (356)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (366)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (410)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (421)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; US-09-156-836B-2
```

```
alignment_scores:
  Quality: 108.50      Length: 476
  Ratio: 0.599        Gaps: 26
  Percent Similarity: 38.025  Percent Identity: 23.109

alignment_block:
  US-09-303-518D-131 x US-09-156-836B-2  ..

Align seg 1/1 to: US-09-156-836B-2 from: 1 to: 430
```

```
32 CCATCGCGGGCAGACCGAGCAAGTCAATTATGACGGCCGCGCATACC 81
   |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
5  Pro**SerCysArgArgArgSerLeuArgCysValArgGln**Pr 21
   |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
82 GAATCGCGGTGCTTGGCGAAGAATATGTCGGCATGCGCCCTCGATGA 131
   |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
21  oSerAlaArgCysLeuTrpGly***lleglySer.....G 33
   |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
132 AATCAAGGAAGTGC.....AAGCGTCACAAA 157
   |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
33  lyAspArgGluIleAspGlyGluSerGlyProGlyTyrArgProPro 49
   |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
158 AAGGCCAAGTCTGTTGAAGACAAAAGAAATCCGGCGTAGTATTACT 207
   |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
50  ArgSerHisCys***SerArgProCysArgLysArg.ArgTyr***ArgC 66
   |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
208 GCGCGCGGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTCACCG..... 242
   |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
66  ysArgAsp***ArgSerArgCysTrpCysHisProGlyTyrSerCysArg 82
   |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
243 ...TGGGGAAGCGGTACTTTCAGTCAGTCGCGTTCGCGTGAAGCA 289
   |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
83  TyrTrpCysHisProArg***SerCysArgCysTrpCysTyrArgArg** 99
   |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
290 ACGACGAAATCGAGTTCGAACCGCTACGTACCTCAACCGCTGCAAAATG 339
   |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
99  *SerArgArg..... 102
   |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
340 AGCAGCGAAAAAGTGCAGCGCAACCTGATTCAATCAGGCTTATGACTGC 389
   |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
103 .....Cys 103
   |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
390 GCTTCGACCGCTCGCTTCAGCAAAATCCCTGCGTAGATCGCGACCGCT 439
   |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
```

```

104 CysSerCysProCysCys...ArgSerProCys***SerArgArg..... 117
440 TCGCCATCTTCGTCATCGATGGACCAATCCGCTGCTGCCGA.... 485
118 .Arg***GlyCysProCysSerCysGlnHis***GlyCysArgTyrC 134
486 .....CCCTACGTCATCATCAAGAAGCCGC..... 512
134 ysArgTyrProGlySerArgTyrProSerSerArgCysProSerLeuArg 150
513 ...CGAAGACTT.....CAACGCGCCCTGTTGTTATTGAGCCGC 550
151 CysArgGlyPheArgCysProArg***ArgCysGlnArgTyrTrpCysPr 167
551 TGACCGAAGCAATAAAT.....CCATGTGTGTAACGACGACG... 587
167 oAsn***ThrGlyArgCysCysArgCysProSerSerArg***GlnT 184
588 .....CGCAGAGCTGCCGTCTGAAATGCTGCCAA 617
184 yr***SerProAlaGlyCysArgArgThrAlaArgCysArgCysCys 200
618 TATCGAAACACATGAATTTGCGCGCCGATCCTCGCGGCTTGAG...TC 664
201 CysArg.....CysTyrPArgThrArgCysCysCysArgCysTr 214
665 GCACGCACATTCATTCATCGCCAGTCGCGCGGAATAAACCGTGTGG 714
214 pGlnSerLeuGly***SerArgProArgSerArg..... 225
715 ACCATCAATATCAAGACGATTCATCGGACGTTTGTTCGTAAACAGG 764
226 .....SerArgArg...CysSerArgArgArgPheGlnAsnArg 237
765 CCGTCTGAATACCGACGCGTGET.....TCGCTTGGCGGCC 802
238 CysCys.....ArgSerArgGlyPheArgGlyLeuArgCysCysSerPhePr 252
803 TGCAGTCAACAACCGCGCTCTGCGTACCGTTTGGTGGGAGGAGTG* 852
252 oGlyPheArgAsnArgHis***IleLeuArgCysPheHisCysArgTyr* 269
853 TCTCAACTTACCGCGCGGATGTTGTCAGCGGACACACCGGTGATTC 902
269 **SerCysArgArgCysArgCys.....ProArgCysPhe 280
903 .....CGGTCGG 910
281 GlyCysArgGlyCysArgCysGlnGlyCys***SerHisArgArgPheAr 297
911 TATTGAAGGTGC.....GATTGCACAA 933
297 gCysArgGlyCysAsnCysArgCysTyrArgCysArgGluCysSerA 314
934 GCGCGCATGATTATTGG.....ACG 956
314 rgArgProGlyLeuProGlyArgAsp***ArgProValGlyHisArglys 330
957 CTACCACATCAGATTCCTGATCGAAGCGCGCAGCAAGAGCTGT 1006
331 IleProThrCysCysPheArgCys***ArgSerProArgSerArgProAl 347
1007 TCGGCTG.....GTTGCGCGCGACCGGACAAATCTCCATCAGC 1047
347 aLeu***TrpProGlySerCys***ThrAsnProIleArgCysCysP 364
1048 CGCACCATCTCGGCCATTTCTTAAACAACTCTTCAGTTCACGCAC 1097
364 roSer***SerArgProIleProAlaArgProArgLeu.....Pro 377
1098 ACCCGTCAACGCGCGACCG.....CGCATGGTACCGATCGGCACCTT 1141
378 GlyArgSerTyrArgTrpProThrLysSerGlyArgSerGlnAsnCy 394

```

```

1142 ATGAGCGGTAATCCGTTGGACATCTGCTACCTTGTCTTTTGGCGAT 1191
394 strHisArgSer.....G 400
1192 TTAATCGTCGCGCATACGACAGCGC 1217
400 lySerArgThrArgTyrArgHisArg 408
seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/taa/6A_COMB.pep:US-08-936-135-4

seq_documentation_block:
: Sequence 4, Application US/08936135
: Patent No. 6054293
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT: Tessier-Lavigne, Marc
: APPLICANT: He, Zhigang
: APPLICANT: Chen, Hang
: TITLE OF INVENTION: Semaphorin Receptors
: NUMBER OF SEQUENCES: 26
: CORRESPONDENCE ADDRESS:
: ADDRESSEE: SCIENCE & TECHNOLOGY LAW GROUP
: STREET: 75 DENISE DRIVE
: CITY: HILLSBOROUGH
: STATE: CALIFORNIA
: COUNTRY: USA
: ZIP: 94010
: COMPUTER READABLE FORM:
: MEDIUM TYPE: Floppy disk
: COMPUTER: IBM PC compatible
: OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
: SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
: CURRENT APPLICATION DATA:
: APPLICATION NUMBER: US/08/936,135
: FILING DATE:
: CLASSIFICATION: 435
: ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
: NAME: OSMAN, RICHARD A
: REGISTRATION NUMBER: 36,627
: REFERENCE/DOCKET NUMBER: UC97-288-2
: TELECOMMUNICATION INFORMATION:
: TELEPHONE: (650) 343-4341
: TELEFAX: (650) 343-4342
: INFORMATION FOR SEQ ID NO: 4:
: SEQUENCE CHARACTERISTICS:
: LENGTH: 2584 amino acids
: TYPE: amino acid
: STRANDEDNESS: single
: TOPOLOGY: linear
: MOLECULE TYPE: peptide
: US-08-936-135-4

alignment_scores:
Quality: 106.50 Length: 432
Ratio: 0.552 Gaps: 22
Percent Similarity: 44.676 Percent Identity: 24.074

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-08-936-135-4 ..
Align seg 1/1 to: US-08-936-135-4 from: 1 to: 2584

16 AAGAGTCTAAATCTGCCATCGCGGCGACACGCGGACAGTCAATTATGA 65
1352 GluGlyLeuAsnValAlaLeuAlaSer...ProLeuGluGlyLeuTyrAl 1367
66 CGGCCCG.....GCCATTACCGAAGTCGCTTCTT...GGCG 100
1367 aserProGlyLeuLeuTyrSerIleLeuGluValAlaLeuAlaArgGlyC 1384
101 AAGAATATGTCGCGCATCGCCCTCGATGAAATCAAGGAGTGAAGCC 150
|||||:|||||:

```

1384 lyleuTyrrValAlaLeu.....lleuLeuGluleLeuGluGlyLeuAsn 1398  
151 GTCAAAAGGCGCAAGTGTGTTGAGAGCAAAAGAAATCCGGCGGTAGT 200  
1399 GlyLeuTyrrGlyLeuTyrrSer..... 1407  
201 ATTACTGCGCGGCTTCAGGCAAAATCCGCGCTATTCCACCGTGGCGAAA 250  
1408 .....HisIleSerAlaA 1412  
251 AGCGCGTACTTTCAGTCAGTCGTGATTGCGGTTCAAGGCAACGACGAAATC 300  
1412 rgglyGlyLeuAlaSerAsnLeuTyrrSerValAlaLeuProHisGluMet 1428  
301 GAGTTCGAACGC.....TACGTACCT.....CA 323  
1429 GluThrAlaArgGlyLeuTyrrSerProHisGluLeuTyrrSerIleLeuGl 1445  
324 AGCGTGGCAAAATTCAGCAGGCAAAAGTGGCGCGCAACCTGATTCAT 373  
1445 uAlaLeuAlaThrTyrrArgSerGluArgAla...SerAsnAla.SerAsn 1460  
374 CAGGCTTATGGACTGGCTTCACCGCCGCT.....TCAGCAA 414  
1461 GlyLeuTyrrSerGluArgAlaSerProHisGluLeuTyrrSerMetGl 1477  
415 ATCCCTGCGTAGATCCGAGCGGCTTCGCCATCTTCG...TCAATCGCAT 461  
1477 uThrIleLeuGluMetGluThrAlaSerProAlaSerProSerGluArgL 1494  
462 GGACACCAATCCGCTGGCTGGCGGACCCACGTCA.....TCATCAAG 505  
1494 eutyrrSerAlaArgGlyLeuTyrrSerAlaLeuAlaLeuTyrrSerSerGlu 1510  
506 AAGCGG.....CGAAGACTTCAAAACGCGSC 531  
1511 ArgProHisGluGlyLeuGlyLeuTyrrAlaSerAsnAlaSerAsnAla 1527  
532 CTGTTGGTATTGAGCGCGCTG..ACGAACGTAAATCCATGTGTAAAG 580  
1527 rAsnThrTyrrArgAlaSerProThrHisArgProArgGlyLeuLeuGluA 1544  
581 CAGCAGCGCGACGCTGCGCTGAA.....AATGCTGCCAAT 618  
1544 laArgGlyAlaLeuAlaProHisGluThrHisArgProArgLeuGluSer 1560  
619 ATCGAAACACATGAATTTGGCGCGCCGCT..... 648  
1561 GluArgThrHisArgAlaArgGlyProHisGluIleLeuGluAlaArgGl 1577  
649 .....CCTGCGCGCTTGAGT.....GSCA 667  
1577 yIleLeuGluThrTyrrArgProArgGlyLeuAlaArgGlyAlaLeuAla 1594  
668 CGCATATTCAT.....TTC 681  
1594 hrHisArgHisIleSerSerGluArgGlyLeuTyrrLeuGluGlyLeuTyrr 1610  
682 ATCGAGCAGTCGCGGCAATTAACCGGTGTGACCATCAAT..... 723  
1611 LeuGluAlaArgGlyMetGluThrGlyLeuLeuGluGluGlyLeuTyrr 1627  
724 ....TATCAAGACCTGATTCATTCGACGCTTTGTCGTA.....ACAG 763  
1627 rCystTyrrSerGlyLeuValAlaLeuGlyLeuValAlaLeuProArgThrH 1644  
764 GCCGTCTG.....AATACGAGCGCGTG 786  
1644 isArgAlaLeuAlaGlyLeuTyrrProArgThrHisArgThrHisArgPro 1660  
787 GTTCCTTGGCGGCTGCAAGTCAACACCGGCGCTCTTGGCTACCGT 836  
1661 ArgAlaSerAsnGlyLeuTyrrAlaSerAsnProArgValAlaLeuAlaSe 1677

837 TTGGGTGCGRAGGTCTCAACTTACCGCGCGCAATTTGGTTCACGCGG 886  
1677 rProGlyLeuCystTyrrSerAlaSerProAlaSerProAlaSerProGlyL 1694  
887 ACAACCGGTGATTTCGCGTTCGATTATGAACGGTGGCGATTGCACAA... 933  
1694 euAsnAlaLeuAlaSerAsnCystTyrrSerHisIleSerSerGluArg 1710  
934 GCGCGCATGATTATTGGGACGCTACCAATCAGATTTCCGTTATCGA 983  
1711 GlyLeuTyrrThrHisArgGlyLeuTyrrAlaSerProAlaSerProProH 1727  
984 AGAAGCGCGCACGAAGAG.....CTGTCGGTGGTGGTTCGC 1021  
1727 sGluGlyLeuAsnLeuGluThrHisArgGlyLeuTyrrGlyLeuTyrrH 1744  
1022 CGCAGCGCGCAAAATATCCATCAGCGCGCACACTCTCGGCCAT 1065  
1744 isArgThrHisArgValAlaLeuLeuGluAlaLeuAlaThrHis 1758  
seq\_name: /cgn2.6/ptodata/1/iaa/5A\_COMB.pep:US-07-745-206A-13  
seq\_documentation\_block:  
; Sequence 13, Application US/07745206A  
; Patent No. 5429921  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Harpold, Michael  
; APPLICANT: Ellis, Steven  
; APPLICANT: Williams, Mark  
; APPLICANT: McCue, Ann  
; APPLICANT: Feldman, Daniel  
; TITLE OF INVENTION: Human Calcium Channel Compositions and  
; TITLE OF INVENTION: Methods  
; NUMBER OF SEQUENCES: 32  
; CORRESPONDENCE ADDRESS:  
; ADDRESSEE: Fitch, Even, Tabin & Flannery  
; STREET: 135 S. LaSalle  
; CITY: Chicago  
; STATE: Illinois  
; COUNTRY: U.S.A.  
; ZIP: 60603  
; COMPUTER READABLE FORM:  
; MEDIUM TYPE: Floppy disk  
; COMPUTER: IBM PC compatible  
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25  
; CURRENT APPLICATION DATA:  
; APPLICATION NUMBER: US/07745,206A  
; FILING DATE: 19910815  
; CLASSIFICATION: 435  
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
; NAME: Feder, Scott B  
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 51504  
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
; TELEPHONE: 312-372-7842  
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 13:  
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
; LENGTH: 1754 amino acids  
; TYPE: AMINO ACID  
; TOPOLOGY: linear  
; MOLECULE TYPE: protein  
US-07-745-206A-13

alignment\_scores:  
Quality: 105.50 Length: 466  
Ratio: 0.558 Gaps: 27  
Percent Similarity: 40.558 Percent Identity: 24.893  
alignment\_block:  
US-09-303-518D-131 x US-07-745-206A-13 ..





FILED DATE: 15-AUG-1991  
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
NAME: Seidman, Stephanie L.  
REGISTRATION NUMBER: 33,779  
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 6362-51506  
TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
TELEPHONE: (619)238-0999  
TELEFAX: (619)238-0062  
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 13:  
SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
LENGTH: 1754 amino acids  
TYPE: amino acid  
TOPOLOGY: linear  
MOLECULE TYPE: protein  
US-08-311-363-13

alignment\_scores:  
Quality: 105.50 Length: 466  
Ratio: 0.558 Gaps: 27  
Percent Similarity: 40.558 Percent Identity: 24.893

alignment\_block:  
US-09-303-518d-131 x US-08-311-363-13  
Align seg 1/1 to: US-08-311-363-13 from: 1 to: 1754

```
38  CGGGAGAGCGGAGCAAGTCAATTTAGACGGCCCGCCGATTCACGAGTC 87
|||||
887  ArgAlaAspArgSerHisSerLysGluAlaAlaGlyPro...ProGluAl 902
88  GGGTTCCTGGGGAAGAATATGTCGGCATGCGCCCTCGATGAA.....131
|||
902  aargThrSerAla.....AlaGluAlaGlnAlaProArg..AlaAlaGly 916
|||
132  ...AATCAAGGAAGTGAAGCGCGTCAAAAGGCAAGTGTGTTGAAG 178
|||
917  GlyThrThrGlyAlaAlaProArgArgArgProSerGly.....930
|||
179  ACAAAAGAATCCGGCGTAGTATTACTGCGCGGCTTCAGGCAAAATC 228
|||
930  .....
229  GCCGTATTCACCGTGGCCAAAGCGGTACTTCAGTCAGTCGATTCG 278
|||||
931  .....SerProAspAlaThrAlaArgThrGly.....939
|||
279  CGTTGAAGGCAACGACGAAATCGAGTTCGAACGCTACGTACCTGAAGCG 328
|||
940  .....ThrArgIleArgAla.....944
|||
329  TGGCAAAATTGAGCAGCGCAAAAGTGGCCCGCAACCTGATTCATCAGGC 378
|||||
945  .....ArgSerAlaProAlaProArgAlaSerGlyA 955
|||
379  TTATGGACTGGCTTCGACCGCCGCTTCAGCAAAATCCCTCGCGTGA 428
|||
955  laArgGlyThrAlaAlaAlaPro.....GluArgGlyProGlyArgArg 969
|||
429  TGGCGAGCGCTTCGCCATCTTCGTCAATGCGATGGACACCAATCCGCTG 478
|||||
970  ...ArgAlaGlyArgSerArgArg.....GlyGlyThrGlyProGly 982
|||
479  CTGC.....CGACCCCTACGGTC 495
|||
982  yThrArgArgSerLeuLeuThrArgLeuTrpArgArgProArgArgA 999
|||
496  ATCATCAAGAACCGCCGAGACTTCAAACGCGGCTGTGTTGTTAG 545
|||
999  rgArgProArg...ArgArgArgLeuArgTrpLysProThr.....1011
|||
546  CCGCCTGACCGAAGTAAATCCATGTGTAAAGCAGCAGCGCAGACG 595
|||||
```

```
1012 .....ArgLysAr 1014
596  TGGCGTCTGAAATGCTCCCAATATCGAAACACACATGAATTTGGCGCCG 645
|||||
1014  gSerSerGlyThrThrSerProGlySerHisThrValThrTrpArgPro 1031
|||||
646  CATCCTGCGCGCTTGAGTGG...CACGCACATTCATTTCATCGAGCCAGT 692
|||||
1031  alGly.....LeuLeuTrpValHisAlaHisThr.....1040
|||||
693  CGGCGGAATAAAACCGTGTGGACCACCAATATCAAGACGTGATTGCTA 742
|||||
1041  .....AlaGlnGlnProValSerArgArg.....1048
|||||
743  TCGGACGTTTGTCTGTAACAGCGCGTCTGAATACCGAGCGCGTGGT...T 789
|||||
1049  .....TrpArgAsnSerGlnArgMetGlnThrIleSerGlyThrS 1062
|||||
790  GCCTTGGCGCGCTTGCAGTCAACAAACCGCGCTCTTGCCTACCGTTTT 839
|||||
1062  erLeuAlaTrpAlaValSerProGlnThrArgThrLeuLeuTrpIleSer 1078
|||||
840  GGTGTGCAAGGTGTCTCAACTTACCGCGCGCAATGGTTGACGCGGACA 889
|||||
1079  GlnCysArgAlaLeu.....LeuGlyLy 1086
|||||
890  ACCCGTGA..TTTCCGGTTCGGTATTGAACGTCGCGATTCCCAAGCGC 938
|||||
1086  sProArgSerPheProValValThrTrpThrTrpLysAlaLysGlnArg 1103
|||||
939  GCATGATTATTTGGGCGCTACCAATCAGATTTCCG...TTATCGAAG 985
|||||
1103  lyArgArgArgTrpLysArgMetThrGlyAlaAlaProGlyLeuSerSer 1119
|||||
986  .....AAGCCGCGCAGCAAGAGCTGTCGCTGGTGGTGG 1020
|||||
1120  HisThrAlaProCysSerValAlaProThrCysSerAlaAla.....1134
|||||
1021  CCGCAGCGGACAAATACTCCA.....T 1043
|||||
1135  ....SerAlaThrThrSerProGlyThrSerArgTrpSerPheSerTrpS 1150
|||||
1044  CAGCGGACCACTCTCGCGCATTTCTTAAACAACTCTTCAAGTTCA 1093
|||||
1150  erSerProAlaAlaSerProTrpLeuLeuArgThrGlnCysAlaGlnThr 1166
|||||
1094  CGACGCGCTCAACGCGCGCGCCGATGTCACCGATCGCAGCTTAT 1143
|||||
1167  ArgProGlyThrThrLeuAsnThr.....TrpIleThrPheSerLeuVa 1181
|||||
1144  GAGCGGTAATGCGGTGGACATCTCTGCTACCTTGTCTTTGCGGATT 1193
|||||
1181  lSerLeuProLeuArgTrpArgSerThrTrpAspCys...CysPheThrL 1197
|||||
1194  AATCGTCGGGATACCGACAGCGCGCGCTTGGTGGTGGT...TGGAA 1240
|||||
1197  euGluProIleSerGlyThrCysGlyThrPheTrpThrSerLeuTrpSer 1213
|||||
1241  TGGACGAAGAAGACCTCGCTTGTGCGCTCTGCTGCGCGG...GCAA 1287
|||||
1214  ValAlaProTrpTrpArgLeuLeuSerArgSerLysGlyLysAspLea 1230
|||||
1288  TAGCAATACGCGCGCTGTGGCAAGTGTGGAACCATTTGAGA 1333
|||||
1230  nThrIleLysSerLeuArgValLeuArgValLeuArgProLeuLys 1245
|||||
```

seq\_name: /cgn2\_6/ptodata/1/iaa/6A\_COMB.pep.us-08-997-897-2

seq\_documentation\_block:

; Sequence 2, Application US/08997897C

; Patent No. 6114514

; GENERAL INFORMATION:

; APPLICANT: SRIVASTAVA, RANJANA

```
; APPLICANT: KUMAR, DEEPAK
; APPLICANT: SRIVASTAVA, BRAHM SHANKER
; TITLE OF INVENTION: MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS SPECIFIC DNA FRAGMENT
; FILE REFERENCE: u011469-7
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/08/997,897C
; CURRENT FILING DATE: 1997-12-24
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 7
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 2
; LENGTH: 430
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Mycobacterium tuberculosis
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (4)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (6)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (20)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (29)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (54)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (64)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (69)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (89)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (99)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (114)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (119)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (129)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (159)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (169)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (182)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (185)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (219)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (259)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (269)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (291)
```

```
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (323)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (339)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (349)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (356)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (366)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (410)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (421)
; US-08-997-897-2
```

```
alignment_scores:
  Quality: 103.50      Length: 471
  Ratio: 0.566        Gaps: 27
  Percent Similarity: 38.854  Percent Identity: 23.779
```

```
alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-08-997-897-2 ..
```

```
Align seg 1/1 to: US-08-997-897-2 from: 1 to: 430

32 CCATCGCGGCGAGCGGAGCAAGTCATTATGACGGCCCGCCATTACC 81
|||||: :||| :|||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||
5 Pro***SerCysArgArgSerLeuArgCysValArgGln***Pr 21
82 GAAGTCGCGTGTGCGGAAAGAAATATGTCGGCATGCGCCCTCGATGAA 131
|||||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||
21 oSerAlaArgCysLeuTrpGly***IleGlySer.....G 33
132 AATCAAGGAAGGTG.....AAGCGTCAAAA 157
:|||||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||
33 lyAspArgGluIleAspGlyGluSerGlyProGlyTyrArgProPro 49
158 AAGGCCAAGTGTGTTTGAAGACAAAAGAAATCCGGCGTAGTATTACT 207
:||||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||
50 ArgSerHisCys***SerArgProCysArgLysArg.ArgTyr***ArgC 66
208 GCGCGCGCTTCAGCAAAATCGCGGTATTCACCG..... 242
|||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||
66 ysArgAsp***ArgSerArgCysTrpCysHisProGlyTyrSerCysArg 82
243 ...TGCGAAAAGCGGTACTTTCAGTCAGTCGATGCGGTGAAGGCA 289
|||||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||
83 TyrTrpCysHisProArg***SerCysArgCysTrpCysTyrArgArg** 99
290 ACGACGAATCGAGTTTCGAACGCTACGTACCTGAAGCGTGGCAAAATTG 339
|||||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||
99 *SerArgArg..... 102
340 AGCAGCGAAAAGTGCAGCCCACTGATTCAATCAGGCTTATGGACTGC 389
103 .....Cys 103
390 GCTTCGCACCGCTCCGTTACAGCAAAATCCCTGCGTAGATGCCAGCCGT 439
:||||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||
104 CysSerCysProCysCys...ArgSerProCys***SerArgArg..... 117
440 TCGCATCTTCGATCAATGCGATGACACCAATCCGCTGGTGCCTGCGCA 485
|||||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||
118 .Arg***GlyCysProCysCysSerCysGlnHis***GlyCysArgTyrC 134
```

```
486 .....CCTACGGTTCATCAACAAGACGCG..... 512
134 ysArgTyrProGlySerArgTyrProSerArgCysProSerLeuArg 150
513 .....CGAAGACTT.....CAAACGGCCCTGTTGGTATTGAGCGCC 550
151 CysArgArgPheArgCysProArg***ArgCysGlnArgTyrTrpCysPr 167
551 TGACCGAAGCTAAAT.....CCATGTGTAAACGACGAG..... 587
167 oAsn***ThrGlyArgCysCysArgCysProSerSerArg***glnT 184
588 .....CGCAGACGTGCGCTCTGAAAATGCTGCCAA 617
184 yr***SerProAlaGlyCysArgArgThrAlaArgCysArgCysCys.200
618 TATCGAACAACATGATTGGGGCCCGCATCTCGCGCTTGAG...TG 664
201 CysArg.....CysTrpArgThrArgCysCysCysArgCysCysTr 214
665 GCACGCACATTCATTCATCGACCGAGTCGGCGCGAATAAAACCGTGTGG 714
214 pGlnSerLeuGly***SerArgProArgSerArg..... 225
715 ACCATCAATTAACAGACGTGATTGCTATCGACGTGTTGCTGAACAGG 764
226 .....SerArgArg...CysSerArgArgPheGlnAsnArg 237
765 CGTCTGAATACCGACGCGGTGGT.....TGCTTGGCGGCGCC 802
238 CysCys.....ArgSerArgGlyPheArgIleArgCysCysSerPhePr 252
803 TCCAAGTCAACAACCGCGCTTGGCTGACGTTTGGTGGTGCAGAGGTG 852
252 oGlyPheArgAsnArgHis***IleLeuArgCysPheHisCysArgTyr* 269
853 TCCTCA.....ACTTACCGCGCGCAATGTTGACGCGGA... 887
269 **SerCysArgArgCysArgCysArgCysPheGlyCysArgGlyCys 285
888 .....CAACCGCGTGATTCCGG..... 905
286 ArgCysGlnGlyCys***SerHisArgArgPheArgCysArgGluCysC 302
906 .....TTCGGTATTGAACGGTGC...GATTGCACAGCGCGCATGATTAT 948
302 sasnCysArgCysTrpArgCysArgGluCysSerArgArgProGlyLeup 319
949 TTGGG.....ACGCTACCAACATCAGAT 971
319 roGlyArgAsp***ArgProValGlyHisArgLysIleProThrCysCys 335
972 TTCCGTTATCAAGAGCGCGCAGCAAGAGCTGTTGGGTG..... 1013
336 PheArgCys***ArgSerProArgSerArgProAlaLeu***TrpProPr 352
1014 .GGTTGCGCGCGCAGCGGACAAATACCTCCATCAGCGCACCATCTCGGC 1062
352 oGlySerCys***ThrAsnProIleArgCysCysProSer***SerArgp 369
1063 CATTCCTTAAACAACTCTCAAGTTACAGACAGCGCTCAACGCGCG 1112
369 roIleProAlaArgProArgLeu.....ProGlyArgSerTyrArg 382
1113 CGACCG.....CGCCATGTTACGATCGCGCATATGACGGCGTAATGC 1156
383 TrpProThrLysSerGlyArgSerGlnAsnCysTrpHisArgSer 399
1157 CGTTGGACATCCTGCCTACCTGCTTTGCGCGATTTAATCGTCGGCAT 1206
399 r.....GlySerArgThrArgT 405
1207 ACCGACAGCGC 1217
```

seq\_name: /cgn2\_6/pdata/1/iaa/6A\_COMB.pep.us-08-783-774-2

seq\_documentation\_block:

Sequence 2, Application US/08783774

Patent No. 6054130

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: Spaete, Richard

APPLICANT: Jackman, Winthrop

TITLE OF INVENTION: NON-SPLICING VARIANTS OF

TITLE OF INVENTION: GP350/220

NUMBER OF SEQUENCES: 19

CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESSEE: Pennie & Edmonds

STREET: 1155 Avenue of the Americas

CITY: New York

STATE: NY

COUNTRY: USA

ZIP: 10036/2711

COMPUTER READABLE FORM:

MEDIUM TYPE: Diskette

COMPUTER: IBM Compatible

OPERATING SYSTEM: DOS

SOFTWARE: FastSeq Version 2.0

CURRENT APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US/08/783,774

FILING DATE: 15-JAN-1997

CLASSIFICATION: 435

ATTORNEY/AGENT INFORMATION:

NAME: Coruzzi, Laura A.

REGISTRATION NUMBER: 30,742

REFERENCE/DOCKET NUMBER: 7682-037

TELECOMMUNICATION INFORMATION:

TELEPHONE: 212-790-9090

TELEFAX: 212-869-8864

TELEX: 66141 PENNIE

INFORMATION FOR SEQ ID NO: 2:

SEQUENCE CHARACTERISTICS:

LENGTH: 907 amino acids

TYPE: amino acid

STRANDEDNESS:

TOPOLOGY: unknown

MOLECULE TYPE: protein

US-08-783-774-2

alignment\_scores:

Quality: 103.50 Length: 507

Ratio: 0.470 Gaps: 26

Percent Similarity: 43.393 Percent Identity: 22.485

alignment\_block:

US-09-303-518D-131/rev x US-08-783-774-2

Align seg 1/1 to: US-08-783-774-2 from: 1 to: 907

1340 CCTTCCTTCCTCAATGTTCCAGCACTTTCCGCAACAGCGGCG..... 1296

240 ProSerGlyGlyIleLeuThrSerThrSerProValAlaThrProIlePr 256

1295 .....TATTCGTATTTCGCCGGCGAGACAGCTGCACAAAGCCA 1256

256 oGlyThrGlyTyrAlaTyrSerLeuArgLeuThrProArgProValSerA 273

1255 GGTCCTTCCTCGTCAATTCC.....AAGCAA 1230

273 rgPheLeuGlyAsnAsnSerIleLeuTyrValPheTyrSerGlyAsnGly 289

1229 CCCAAAGCCTCGCG..... 1215

290 ProLysAlaSerGlyGlyAspTyrCysIleGlnSerAsnIleValPheSe 306

```
1214 .....CTCGGTATCGCGGCGGATTAATACCGCGCAAGAGTAG 1172
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
306 rAspGluileProAlaSerGlnAspMetProThrAsnThrThrAspIle 323
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1171 GCAGGATGCCACGAGTATCGCGGTCTATAGTCGCGGATCGGTACCATG 1122
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
323 hrTyValGlyAspAsnAlaThrTySer...ValProMetValThrSer 338
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1121 .....GCGGCTCGCGCGGTGTGAGCGGTGTCGTG..... 1092
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
339 GluAspAlaAsnSerProAsnValThrValThrAlaPheThrAlaPr 355
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1091 .....AACTCAAGAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1046
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
355 oAsnAsnThrGluThrAspPheLysCysLysTrpThrLeuThrSerGly 372
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1045 TGATGGAGTATTTCTCGCGGTG.....GCGCAACCCAGCGG 1008
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
372 hrPro.....SerGlyCysGluAsnIleSerGlyAlaPheAlaSer 385
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1007 AACAGCTCTTTGCTCGCGGCTTCTTCGATAACGGAATCTGATTGGTA 958
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
386 Asn.....ArgThrPheAspIleThr..... 392
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
957 GCGTCCCAATAATCATGCGCGGCTTGTGCAATCGCACCGCTTCATACCG 908
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
393 .....ValSerGlyLeuGlyThrA 399
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
907 AACCGGAA.....ATCACGGGTGTGTCGGGTCAACCAATTCGCGG 867
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
399 laProLysThrLeuIleThrArgThrAla..... 409
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
866 GCGTAAGTTGAGACACTTTCGACCCCAACAGGTACGACGAGCGCGG 817
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
410 .....ThrAsnAlaThrThrThrHisLys..... 418
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
816 TTGTTGACTTCGAGCGCGCCAGGCAACACCGCTCGGTATTCAGAC 767
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
419 ValIlePheSerLysAlaProGluSerThrThrSer..... 431
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
766 GGCCTGTTCACCAACAGCTCCGATAGCAATCAGCTCTTGATAATTGATG 717
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
432 ..ProThrLeuAsnThrThrGlyPheAlaAspProAsn..... 443
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
716 GTCCACACGGTTTATTCGCCCGGCTCGATGAAATGAATGTCGCT 667
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
444 .....ThrThrGlyLeuProSerSerThrHisVa 454
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
666 GCACCTCAAG.....CCGGCAGGATCGCGCGCCCAATTCATGTG 626
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
454 lProThrAsnLeuThrAlaProAlaSerThrGlyProThrValSerThra 471
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
625 TTTCGATATTCGACAGTATTCAGACGCGAGCTGCGCCCTGCTGCTTA 576
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
471 laAspValThrSerProThrProAlaGlyThrThrSerGlyAlaSerPro 487
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
575 CACACA.....TGG..... 567
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
488 ValThrProSerProSerProThrAspAsnGlyThrGluSerLysAlaPr 504
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
566 ....ATTTTACGTCGCTGAGCGCTCAATACCAACAGCGCGGTTTGA 521
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
504 oAspMetThrSerSerThrSerProValThrThrProThrProAsnAla 521
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
520 AGTCTTCGCGGCTTCTTTGATGATGACCGTAGGTCGCGCAGCGGA 471
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
521 hrSerProThrProAlaValThrThrProThrProAsnAlaThrSerPro 537
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
470 TTGGTCTCCATCGCATTTGACGAAGATGGCGAAGCGCTGCGATCACGCG 421
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
538 ThrProAlaValThr...ThrProThrProAsnAlaThrSerProThrLe 553
```

```
seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/1aa/PCTUS_COMB.pep:PCT-US95-04611A-19
seq_documentation_block:
; Sequence 19, Application PC/TUS9504611A
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Spaete, Richard and Jackman, Winthrop, T.
; TITLE OF INVENTION: Non Splicing Variants of gp350/220
; NUMBER OF SEQUENCES: 19
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Cooley Godward Castro Huddleson & Tatum
; STREET: 5 Palo Alto Square
; CITY: Palo Alto
; STATE: California
; COUNTRY: USA
; ZIP: 94306
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: Patent in Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: PCT/US95/04611A
; FILING DATE:
; CLASSIFICATION:
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 08/229,291
; FILING DATE: April 18, 1994
; CLASSIFICATION:
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Luann Cserr
; REGISTRATION NUMBER: 31,822
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: AVIR-003/000S
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: 415-843-5163
; TELEFAX: 415-857-0663
; TELEX: 380816 CooleyPA
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 19:
```

```

; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 907 amino acids
; TYPE: amino acid
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
PCT-US95-04611A-19

```

## alignment\_scores:

```

Quality: 103.50      Length: 507
Ratio: 0.470         Gaps: 26
Percent Similarity: 43.393      Percent Identity: 22.485

```

## alignment\_block:

```
US-09-303-518D-131/rev x PCT-US95-04611A-19
```

```
Align seg 1/1 to: PCT-US95-04611A-19 from: 1 to: 907
```

```

1340 CCTTCTCTCAATGGTTTCCAGCACTTTCGCAACAGCGGCGC..... 1296
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
240 ProSerGlyGlyLeuThrSerProValAlaThrProIlePr 256
1295 .....TATTCGTATTTCGCCGGCAGAGCAAGCTGCCAAGCGA 1256
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
256 OGlyThrGlyTyrAlaTyrSerLeuArgLeuThrProArgProValSerA 273
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1255 GGTCTTCTTCGTCCCAATCC.....AAGCAA 1230
|| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
273 rgPheLeuGlyAsnAsnSerIleLeuTyrValPheTyrSerGlyAsnGly 289
1229 CCCAAAGCTCGCGCG..... 1215
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
290 ProLysAlaSerGlyGlyAspTyrCysIleGlnSerAsnIleValPheSe 306
1214 .....CTGCGGTATCCCGCAGCATTAATCGCGCAAAAGCAAGGTAG 1172
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
306 rAspGluIleProAlaSerGlnAspMetProThrAsnThrThrAspIleT 323
1171 GCAGGATGCCAAGCGCATTCAGCGCTCATAAGTCCGCGGTACCATG 1122
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
323 hrTyrValGlyAspAsnAlaThrTyrSer...ValProMetValThrSer 338
1121 .....GCSCGTGCGCGCGTTCGCGTGC..... 1092
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
339 GluAspAlaAsnSerProAsnValThrValThrAlaPheTrpAlaTrpPr 355
1091 .....AACTTGAAGAGTTGTTTTTAGGAATGCGCGAGAGTGGCGCG 1046
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
355 oAsnAsnThrGluThrAspPheLysCysLysTrpThrLeuThrSerGlyT 372
1045 TCATGGAGTATTTCGCGGTGC.....GGCGCAACCCAGCGC 1008
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
372 hrPro.....SerGlyCysGluAsnIleSerGlyAlaPheAlaSer 385
1007 AACAGCTCTTGTCTCGCGCTTCTTCGATACGGAATCTCATGTGTA 958
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
386 Asn.....ArgThrPheAspIleThr..... 392
957 GCGTCCCAAAATATCATCGCGCGCTTGTGCAATGCCACCGTTCAATCCG 908
393 .....ValSerGlyLeuGlyThrA 399
907 AACCGGAA.....ATCAGCGGTGTCGCGGTCAACCAATTCGCGC 867
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
399 laProLysThrLeuIleIleThrArgThrAla..... 409
866 GCGTAAGTTGAGACACTTCGACCCCAAAACGTACGCAAGAGCGCGG 817
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
410 .....ThrAsnAlaThrThrThrHisLys..... 418
816 TTTGTTGACTTGAGCGCGCCCAAGCAACCGCGCTCGGTATTCAGAC 767
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
419 .ValIlePheSerLysAlaProGluSerThrThrSer..... 431

```

```

766 GCCTCTTACGAACAACGTCGATAGCAATCACGCTTGTGATAATGATG 717
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
432 ..ProThrLeuAsnThrThrGlyPheAlaAspProAsn..... 443
716 GTCCACACGGTTTTATTCCGCCGAGATGGCTGATGAATAATGATGCT 667
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
444 .....ThrThrThrGlyLeuProSerSerThrHisVa 454
666 GCCACTCAAG.....CGGCGAGGATGGCGCGCCCAATCATG 626
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
454 lProThrAsnLeuThrAlaProAlaSerThrGlyProThrValSerThrA 471
625 TTTGATATGGCAGCATTTTCAGACGCGAGCTGTCGCGCTGCTCTTTA 576
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
471 laAspValThrSerProThrProAlaGlyThrThrSerGlyAlaSerPro 487
575 CACACA.....TGG..... 567
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
488 ValThrProSerProSerProThrProAspAsnGlyThrGluSerLysAlaPr 504
566 ....ATTTTACGTTGGTTCAGCGCGCTCAATACCAACAGCGCGTTGA 521
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
504 oAspMetThrSerSerThrSerProValThrThrProThrProAsnAlaT 521
520 AGCTTTCGCGCGCTTCTTTGATGATGACCGTAGGTCGGCAGCAGCGGA 471
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
521 hrSerProThrProAlaValThrThrProThrProAsnAlaThrSerPro 537
470 TTGTGTCCATCGCATTCGCAAGATGCGAAGCGCTGGCATCTACGCG 421
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
538 ThrProAlaValThr...ThrProThrProAsnAlaThrSerProThrLe 553
420 AGGATTTTGTGTAACGCGAGCGGTGCGAAGCGCAGTCCATCAAGCTGATT 371
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
553 uGly.....LysThrSerProThrSerAlaValThrThrProThrP 567
370 GAATCAGGTTCGCGCGCACTTTTCGCTCAATTTTGGCAGCGCTCA 321
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
567 roAsnAlaThrSerProThrLeuGlyLysThrSerProThrSerAlaVal 583
320 GGTACGTAGCTTCGAACTCGATTTCG.....TCGTTGCC 286
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
584 ThrThrProThrProAsnAlaThrSerProThrLeuGlyLysThrSerPr 600
285 TTCACGCGAATCAGCACTGACTGAGTACGCGCTTTTCCGCGCGTGA 236
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
600 oThrSerAlaValThrThrProThrProAsnAlaThrGlyProThr...V 616
235 TAGCGCGGATTTTCCTGGAAGCGCGCAGTAATACTAGCGCGGATTC 186
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
616 alGlyGluThrSerProGlnAlaAsnAlaThrAsnHisThr..... 629
185 TTTTGTCTTCAACAGCACTTCGCGCTTTTTCAGCGCTTCACCTTCCTT 136
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
630 ...LeuGlyGlyThrSerProThrProValValThr..... 640
135 GATTTTCATCGAGGCGGATGCGGACATATTTTCGCCAAGCAACGCGA 86
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
641 .....SerGlnProLysAsnAlaT 647
85 CTTCG...GTAATGGCGGCGCGTCATATAATGACTTGTCTCGGCTCGGCC 39
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
647 hrSerAlaValThrThrGlyGlnHisAsnIleThrSerSerThrSer 663
38 GCGATGGCAGATTTAGACT 18
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
664 SerMetSer...LeuArgPro 669

```

```
seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/5A_COMB.pep.US-08-270-076A-11
```

```
seq_documentation_block:
```

```
; Sequence 11, Application US/08270076A
```

```

; Patent No. 5667986
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Sleep, Darrell
; APPLICANT: Goodey, Andrew R
; APPLICANT: Vakaria, Diana
; TITLE OF INVENTION: Yeast Promoter
; NUMBER OF SEQUENCES: 17
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSER: The BOC Group, Inc.
; STREET: 100 Mountain Avenue, Murray Hill
; CITY: New Providence
; STATE: New Jersey
; COUNTRY: USA
; ZIP: 07974
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/270,076A
; FILING DATE: 01-JUL-1994
; CLASSIFICATION: 435
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: GB 8923521.2
; FILING DATE: 18-OCT-1989
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 07/597,687
; FILING DATE: 16-OCT-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 07/925,286
; FILING DATE: 04-AUG-1992
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Swope, R. Hain
; REGISTRATION NUMBER: 24864
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 92H834-3
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: 908/771-6292
; TELEFAX: 908/771-6159
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 11:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 806 amino acids
; TYPE: amino acid
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
; US-08-270-076A-11

alignment_scores:
  Quality: 101.00      Length: 404
  Ratio: 0.571        Gaps: 17
  Percent Similarity: 43.812      Percent Identity: 22.030

alignment_block:
  US-09-303-518d-131/rev x US-08-270-076A-11      ..

  Align seg 1/1 to: US-08-270-076A-11 from: 1 to: 806

1322 TCCAGCATTTCGCAACAGCGCGCTATTCGTATTTCGCCGCGCAGAC 1273
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
33 SerSerAsnIleThrSerSerGlyProSerSer.....Th 44

1272 GAAGCTGCACAAAGCGAGTCTCTCT.....T 1247
| :|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
44 rProPheSerSerAlaThrGluSerPheSerThrGlyThrValThrP 61

1246 CTGCAATTCGAAGCAACCC....AAGCGCTGGCGCTGTCGTATCGCG 1200
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
61 roSerSerSerLysThrProGlySerLysThrGluThrSerValSer 77

1199 ACGATTAAATCGCGCAAAAGCAAGTAGGAGGATGTCACCGGATTAC 1150
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
78 ThrThrGluThrThrIleValProThrThrThrThrSerValIleTh 94

1149 GGGCTCATAGTGGCGATCGGTACATCGCGCGCTGCGCGCGCTGACGG 1100
| :|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
94 rProSerThrThrIleThrThrValThrValCysSerThrGlyThrAsn 111

1099 CTGCTGTAAGTGAAGAGTTTGTGTTTATAGAAATGGCCGAGAGTGGT 1050
: :|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
111 er..... 111

1049 CGCGTATGGAGTATTTGTCGGCTGCGCGCAACCCAGCGAAGAGTGC 1000
: :|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
112 ...AlaGlyGluThrThrSerGlyCysSer..... 120

999 TTTGCTGCGGCTCTCTCGATAACGAAATCTGATTGTGTAGGTGCCA 950
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
121 .....ProLysThrIleThr..... 125

949 AATAATCATGGCGCTGTGCAATCGCACCGTTCATACCAACCGGAA 900
: :|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
126 ....ThrThrValProCysSerThrSerProSerGluThrAlaSerGlu 140

899 ATCAGCGGTTGTCGCGCTCAACCAATTCGCGCGGTAAGTTGAGACAC 850
||| :|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
141 SerThr.....ThrThrSerProThrThrProValThrTh 152

849 CTTGCGACCCAAACGGTA.....CGCAAGA 824
| :|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
152 rValValAlaThrThrValValThrThrGluThrSerThrSerThrLysG 169

823 GCGCGGTTGTTGACTTGCAGCGCGCCCAACCGCGCTCGGTA 774
: :|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
169 InGlyGlyGluIleThr.....ThrThrPheValThr 179

773 TTCAGACGCGCTGTACGAACAAACGTCGATAGCAATCAGCTCTGATA 724
: :|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
180 LysAsnSerProThrThrThrLeuThrThrIleAlaProThrSer..... 194

723 ATTGATGGTCCACACGGTTTAA...TTCGCGCGGACTGCTCGATGAAAT 677
||| :|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
195 ....SerValThrThrValThrAsnPheThrProThrThrIleThrThr 210

676 GAATGTC.....GTGCCACTCAAGCGCGCGAGATGC 645
: :|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
210 hrValCysSerThrGlyThrAsnSerAlaGlyGluThrThrSerGlyCys 226

644 GGGCGCCAAATTCATGTTTCGATATTCGAGCATTTTCAGACGGC... 597
: :|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
227 SerProLysThrValThrThrValLeuCysSerThrGlyThrGlyGlu 243

596 .....ACGTCGCGCTGCTTTACACACATGATTTTACGTTCCG 554
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
243 uThrThrGluAlaThrAlaProValThrThrAlaValThrThrThrV 260

553 TCAGGCGCTCAATACCAACAGCGCGTTCGAGTCTTCGGCGCTTCT 504
||| :|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
260 al..... 260

503 TTGATGATGACCTAGGTCGCGCAGCGGATTCGTCCATCCATT 454
: :|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
261 ...ValThrThrGluSerThrGlyThrAsnSerValGlyLysThrTh 276

453 GAGCAAGATGCGAAGCGCTCGCATCTACGCGAGGATTTTCTGCTCAAG 404
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
276 rThrSerThrThrLysSerValProThrThrThrValPheAspPhe 293

403 GAGGCTGCGAAGCGAGTCCATAAGCCTGATTAATCAGTTGCGGCGC 354
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
293 Lys.....Gly.IleLeuAspGlnSerCysGlyGlu 303

353 ACTTTTTCGCTGCTCAATTTTGCAGCGCTTCAGTACGTAGCGTT... 308
: :|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
303 yValPheSerAsnAsnGlySerSerGlnValGlnLeuArgAspValVal 320

```



```
312 SerValMetGlyIleAlaAspGlyAlaValHisAsnThrGluGluI 328
786 GGTGGCTGGGGGCTGCAAGTCAACAAACGCGCCCTCTTGGCTACCG 835
:|||||:
328 eValAla.....GlnSerIleAlaLeuSerSerL 338
836 TTTGGTGGGAGGTGCTCAACTTACCGCCCGGCAATTGGTGGACGG 885
:|||||:
338 euMetValAlaGlnAlaIleProLeu...ValGlyGluLeuValAsp... 352
886 GACAACCGCGTGATTCCCGGTTCGGTATTGAACGGTGGCATTCACAAGG 935
353 .....IleGlyPheAl 356
936 CGCGCATGATTATTGGGACGCTACCACAATCAGATTTCGGTATTGCAAG 985
:|||||:
356 aAlaTyrAsnPheValGluSerIleAlaAsnLeuPheGlnValValHisA 373
986 AAGCCCGCACCAAGAGCTGTCGGTGGTGGTGGCGG..... 1023
373 snSerTyrAsnArgProAlaTyr.....SerProGlyHisLysThr 386
1024 CAGCGG.....GACAATATCTCATCAGCGCGCACCACTCTC..... 1059
|||||
387 GlnProPheLeuHisAspGlyTyrAlaValSerTrpAsnThrValGluAs 403
1060 .....GGCCATTCTCTAAAAA 1075
403 pSerIleIleArgThrGlyPheGlnGlyGluSerGlyHisAspIleLys. 419
1076 ACAAACTCTCAAGTTCCAGTCACGACAGCCGCTCAACGCGCGCGCCGCGCATG 1125
420 .....IleThrAlaGluAsn.....ThrPro 426
1126 GTACCGATGCGCATTTATGACGCGGTAAATGCCGTGGACATCCGCGCTAC 1175
:|||||:
427 LeuProIleAlaGlyVal.....LeuLeuProTh 436
1176 CTTG 1179
436 rIle 437
seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/6B_COMB.pep:US-09-171-969-9
seq_documentation_block:
; Sequence 9, Application US/09171969
; Patent No. 6284533
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Thomas, Lawrence J.
; TITLE OF INVENTION: PLASMID-BASED VACCINE FOR TREATING ATHEROSCLEROSIS
; NUMBER OF SEQUENCES: 10
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Banner & Witcoff, Ltd.
; STREET: 75 State Street, Suite 2300
; CITY: Boston
; STATE: Massachusetts
; COUNTRY: USA
; ZIP: 02109-1807
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: WordPerfect 6.1
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/09/171,969
; FILING DATE: 01 May 1997 (01.05.97)
; CLASSIFICATION: 514
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 08/640,713
; FILING DATE: 01 May 1996 (01.05.96)
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 08/602,967
; FILING DATE: 21 February 1997 (21.02.97)
```

```
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Leon R. Yankwich
REGISTRATION NUMBER: 30,237
REFERENCE/DOCKET NUMBER: TCS 414.1 PCT (05872)
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 9:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 535 amino acids
TYPE: amino acid
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: protein
HYPOTHETICAL:
ANTI-SENSE:
FEATURE: (A)NAME:
LOCATION:
US-09-171-969-9

alignment_scores:
Quality: 98.50 Length: 468
Ratio: 0.495 Gaps: 27
Percent Similarity: 42.521 Percent Identity: 20.299

alignment_block:
US-09-303-518d-131 x US-09-171-969-9 ..
Align seg 1/1 to: US-09-171-969-9 from: 1 to: 535

31 CCCATCGCGGCGAGACCGGAGCAAGTCATT...TATGACGGCGCGCCCAT 77
|||||:
72 ProLeuSerGlyLysAlaGlyValValLysValThrTyrProGlyLe 88
78 TACCGAAGTCGCGTTCGTTGGTGGAGAAATATGTCGGCATGCGCCCTCGA 127
|||||:
88 uThrLysValLeu.....AlaL 94
128 TGAATATCAAGGAAGTGGAAGCGGTCAAAAAGGCAAGTGTCTTTGAA 177
:|||||:
94 euLysValAspAsnAlaGluThrIle..... 102
178 GACAAAAGAATCCGGCGGTAGTATTACTGCGCGGTTTACGGCAAAAT 227
|||||:
103 ...LysLysGluLeuGlyLeuSerLeuThrGluProLeuMetGluGlnVa 118
228 CGCGCGT.....ATTCAACGCT.....GGCGAAAAGCGCGTAC 259
:|||||:
118 lGlyThrGluGluPheIleLysArgPheGlyAspGlyAlaSerArgVal 135
260 TTCAGTCAGTCGTTGATTGCGTTGAAGCAACGAC..... 294
:|||||:
135 alLeuSerLeuProPheAla...GluGlySerSerSerValGluTyrIle 150
295 .....GAAATCGAGTT 305
|||||:
151 AsnAsnTrpGluGlnAlaLysAlaLeuSerValGluLeuGluLeuAsnPh 167
306 CGAA.....CGTAGTACCTG 322
|||||
167 eGluThrArgGlyLysArgGlyGlnAspAlaMetTyrGluTyrMetAlaG 184
323 AAGCGCTGGCAAAATTTGAGCAGCGAAAAGTGCAGCAACCTGATTCAA 372
|||||
184 lAlaCysAla.....GlyAsnArgValArgSer...ValGly 196
373 TCAGGCTTA.....TGACTGCGCTTCGCGACCGCTCC 404
|||||
197 SerSerLeuSerCysIleAsnLeuAspTrpAspValIleArgAspLysTh 213
405 GTTCAGCAAAATCCCTGCGCTAGATCGGAGCGGTTCCGCCATCTTCGTCA 454
|||||
213 rLysThrLysIleGluSerLeu.....LysGluHisGlyProIleLysA 228
455 ATGGGATGGACACCAATCCGCTGGCTGCCGCCCTACGGTCAATCAAAA 504
||| |||||: |||
```







Align seg 1/1 to: US-08-393-703-5 from: 1 to: 2035

```
1118 CGTCCGCGCGGTGACGGCTGC.....GTGAACTTGAGAG 1081
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
363 LysProProProAlaAlaArgValGlnLeuValArgAlaAsnThrAsnSe 379
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1080 TTGTTTTTTAGGAATGCGCGAGAGTGTGCGCGTGCATGGAGTATTG. 1032
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
379 rLeuGluVal...SerTirpGlyAlaValAlaAlaThrAlaAspSerTyrLeuL 395
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1031 .....TCCGGCTGCGCGCAACCCAG 1011
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
395 euGlnLeuGlnLysTyrAspIleProAlaThrAlaAlaThrAlaThrSer 411
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1010 CCGAACACAGCTCTTTGTGTCGGCGCTCTTCGATAACGGAATCGATTGTG 961
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
412 ProThr.....ProAsnProValProSerValProAla.. 422
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
960 GTAGCGTCCCAATATATCATGCGCGCTTGTGTGCAATCGCACCGTTC.... 915
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
423 ....AsnProProLysSerProAlaProAlaAlaAlaProAlaValG 438
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
914 .....AATACCGAACCGGAATCACCGCGTGTCTCCCGTCAACCAATTCG 870
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
438 lnProLeuThrGlnValGlyIleThrLeuLeuProGlnAlaAlaProAla 454
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
869 .....CGGCGGTAAGTTGAGACAC 850
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
455 ProProThrThrThrThrIleGlnValLeuProThrValProGlySerSe 471
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
849 CTTTCGACCCCAACAGGTACGCAAGAGGCGCGGT.....TGTGTA 809
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
471 rIleSerValProThrAlaAlaArgThrGlnGlyValProAlaValLeuL 488
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
808 CTTGACGCGCGCCCAAGCAACACGCGCTCG.....GTATTCAGACGG 765
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
488 ysValThrGlyProGlnAlaThrThrGlyThrProLeuValThrMetArg 504
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
764 CTTGTTACG.....ACAACGTCGATAGCAATCAGCTCTGTGATAATT 721
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
505 ProAlaSerGlnAlaGlyLysAlaProValThrValThrSer.....Le 519
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
720 GATGTCTCCACACGGTTTATTTCGCGCGGCTGCTCGATGAATGAATGT 571
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
519 uProAlaGlyValArgMetValValProThrGlnSerAlaGlnGlyThrV 536
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
670 GCGTCCACTCAAGCGCGGAGGATCGGG.....642
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
536 alIleGlySerSerProGlnMetSerGlyMetAlaAlaAlaAlaAla 552
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
641 .....CCGCCAATTCATGTGTTCGATATTCGATATTCG 613
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
553 AlaAlaAlaThrGlnLysIleProProSerSerAlaProThrValLeuSe 569
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
612 A.....GCATTTTCAGACGGCA 596
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
569 rValProAlaGlyThrThrIleValLysThrMetAlaValThrProGlyT 586
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
595 CGTCTGCGCGCTGCTCTTACACATGATTTTACGTTTCGTCGTCAGCGGG 546
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
586 hrThrThrLeuProAlaThrValLysValAlaSerSerProValMetVal 602
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
545 CTCATACCAACAGCGCGGTTCGAGCTTCGCGCGCTTCTTTGATGAT 496
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
603 SerAsnProAlaThrArgMetLeuLysThrAlaAlaAlaGlnValGlyTh 619
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
495 GACCGTAGGTCGCGCAGCC.....477
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
619 rSerValSerSerAlaThrAsnThrSerThrArgProIleIleThrValH 636
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
476 .....ACGGGATTGGTCCATCCGA.....TTGACGAAG 447
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
636 lsLysSerGlyThrValThrValAlaGlnGlnAlaGlnValValThrThr 652
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
446 ATGGCGAACGCGTCGCGCATCTACG.....423
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
653 ValValGlyGlyValThrLysThrIleThrLeuValLysSerProIleSe 669
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
422 .....GCAGGATTTTCTGCTGAAC...GGACGGGTGCGAAGCG 389
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
669 rValProGlyGlySerAlaLeuIleSerAsnLeuGlyLysValMetSerV 686
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
388 CAGTCCAT...AAGCTGTGATTGAATCAGTTGCGCGCACCTTTTTCGCTG 342
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
686 alValGlnThrLysPro.....ValGlnThrSerAlaVal 697
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
341 CTCATATTTTGCAGCGCT.....324
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
698 ThrGlyGlnAlaSerThrGlyProValThrGlnIleIleGlnThrLysG 714
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
323 .....TCAGTACGTAGCGTTCG.....AACTCGATTTCGTCTG 290
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
714 yProLeuProAlaGlyThrIleLeuLysLeuValThrSerAlaAspGlyL 731
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
289 TGCCTTCAACGCAATCACGACTGACTGAGTAGCGCTTTTTCGCCACGG 240
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
731 ysProThrThrIleIleThrThr.....738
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
239 TGAATAGCGCGGATTTCCCTGAAGCGCGCGCAGTAATACTACGCCCGG 190
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
739 .....ThrGlnAlaSerGlyAlaGlyThrLysPro.. 748
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
189 ATTCTTTTGTCTTCAACACGACTTGGCCCTTTTTCAGCGCTTCACCTT 140
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
749 .ThrIleLeuGlyIleSerSerValSerProSerThrThrLysProGlyT 765
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
139 CTTGATTTTTCATGAGGGCGCAGCGACATATCTTCGCCAAGCAAC 90
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
765 hrThrThrIleIleLys.....ThrIleProMetSer 775
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
89 GCGACTTCGGTAATGGCGGCGCGCTCATAAATGACTTGCTCC 48
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
776 AlalleIleThrGlnAlaGlyAlaThrGlyValThrSerSer 789
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/PCTUS_COMB.pep:PCT-US93-11721-5
seq_documentation_block:
; Sequence 5. Application PC/TUS9311721
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Lemaire, Kelly
; APPLICANT: Wilson, Angus
; APPLICANT: Herr, Winship
; TITLE OF INVENTION: A NOVEL EKARYOTIC TRANSCRIPTION PROTEIN:
; TITLE OF INVENTION: HOST CELL FACTOR
; NUMBER OF SEQUENCES: 15
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSES: FLEHR, HOHBACH, TEST, ALBRITTON & HERBERT
; STREET: 4 Embarcadero Center, Suite 3400
; CITY: San Francisco
; STATE: CA
; COUNTRY: USA
; ZIP: 94111-4187
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: PCT/US93/11721
; FILING DATE: 03-DEC-1993
; CLASSIFICATION:
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Osman, Richard A
; REGISTRATION NUMBER: 36,627
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: FP-57503-1/RAO
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
```

TELEPHONE: (415) 781-1989  
 TELEFAX: (415) 398-3249  
 TELEX: 910 277299  
 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 5:  
 SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 LENGTH: 2035 amino acids  
 TYPE: amino acid  
 STRANDEDNESS: single  
 TOPOLOGY: linear  
 MOLECULE TYPE: peptide  
 PCT-US93-11721-5

alignment\_scores:  
 Quality: 98.00 Length: 464  
 Ratio: 0.469 Gaps: 24  
 Percent Similarity: 45.043 Percent Identity: 22.198

alignment\_block:  
 US-09-303-518D-131/rev x PCT-US93-11721-5 ..  
 Align seg 1/1 to: PCT-US93-11721-5 from: 1 to: 2035  
 1118 CGGTGCGCGCGGTGACGGCTGTC.....GTGAACCTGAAGAG 1081  
 363 LysProProProProAlaArgValGlnLeuValArgAlaAsnThrAsnSe 379  
 1080 TTTGTTTTAGAAATAGCGGAGAGTGGTGGCGGTGATGAGTATTG. 1032  
 379 rLeuGluVal...SerTrpGlyAlaValAlaThrAlaAspSerTyrLeuL 395  
 1031 .....TCCGGCTGCGGCGCAACCCAG 1011  
 395 euGlnLeuGlnLysTyrAspIleProAlaThrAlaAlaThrAlaThrSer 411  
 1010 CCGAACAGCTCTTTGCTCGCGCTTCTTCGATAACGGAAATCTGATTGTG 961  
 412 ProThr.....ProAsnProValProSerValProAla.. 422  
 960 GTAGGTCCTCCAAATATCATCGCGCTTGTGCAATCGCACCGTTC.... 915  
 423 ....AsnProProLysSerProAlaProAlaAlaAlaAlaProAla 438  
 914 .....AATACCGAAGCGGAAATCATCGGGTGTGCGGTCAACCAATTCG 870  
 438 lnProLeuThrGlnValGlyIleThrLeuLeuProGlnAlaAlaProAla 454  
 869 .....CCGGCGGTAAAGTTGAGACAC 850  
 455 ProProThrThrThrThrIleGlnValLeuProThrValProGlySerSe 471  
 849 CTTGCGACCAAAACGGTACGCAAGAGCGCGGT.....TTGTTGA 809  
 471 rIleSerValProThrAlaAlaArgThrGlnGlyValProAlaValLeuL 488  
 808 CTTGAGCGCGCCCAAGCAACACCGCGCTCG.....GTATTGAGCGG 765  
 488 ysValThrGlyProGlnAlaThrThrGlyThrProLeuValThrMetArg 504  
 764 CTTGTTAG.....AACAAAGCTCCGATAGCAATCACTGCTTGTATAATT 721  
 505 ProAlaSerGlnAlaGlyLysAlaProValThrValThrSer.....Le 519  
 720 GATGTCACACAGGTTTATTGCGCGCGGTGCTGATGAAATGAATGT 671  
 519 uProAlaGlyValArgMetValValProThrGlnSerAlaGlnGlyThrV 536  
 670 GGTGCTCACTAAGCGCGGAGATCGGG..... 642  
 536 alIledlySerSerProGlnMetSerGlyMetAlaAlaLeuAlaAla 552  
 641 .....CCGCCAAATTCATGTTTCGATATGCG 613

553 AlaAlaAlaThrGlnLysIleProProSerSerAlaProThrValLeuSe 569  
 612 A.....GCATTTTCAGACGCA 596  
 569 rValProAlaGlyThrThrIleValLysThrMetAlaValThrProGlyT 586  
 595 CGTCTGCGCGCTGCTTTTACACACATGGATTTTACGTTGCGTTCAGCGG 546  
 586 hrThrThrLeuProAlaThrValLysValAlaSerSerProValMetVal 602  
 545 CTCATATACCAACAGCGCGCTTGAAGTCTTCGCGCGCTTCTTTGATCAT 496  
 603 SerAsnProAlaThrArgMetLeuLysThrAlaAlaGlnValGlyTh 619  
 495 GACCGTAGGTCGCGACGC..... 477  
 619 rSerValSerSerAlaThrAsnThrSerThrArgProIleIleThrValH 636  
 476 .....AGCGGATTTGTCCTCATCGCA.....TTGACGAG 447  
 636 lsLysSerGlyThrValThrValAlaGlnGlnAlaGlnValValThrThr 652  
 446 ATGCGCAACGCGCTCGCATCTACG..... 423  
 653 ValValGlyGlyValThrThrIleThrLeuValLysSerProIleSe 669  
 422 .....GCAGGATTTTCTGAAC...GGACGGGTGCGAAGCG 389  
 669 rValProGlyGlySerAlaLeuIleSerAsnLeuGlyLysValMetSerV 686  
 388 CAGTCCAT...AAGCGTGTGAATCAGGTGCGCGCGCTTTTCGCTG 342  
 686 alValGlnThrLysPro.....ValGlnThrSerAlaVal 697  
 341 CTCATTTTCCGACGCT..... 324  
 698 ThrGlyGlnAlaSerThrGlyProValThrGlnIleIleGlnThrLysG 714  
 323 .....TCAGGTACGTAGCTGCG.....AACTCGATTTCTGCTGT 290  
 714 yProLeuProAlaGlyThrIleLeuLysLeuValThrSerAlaAspGlyL 731  
 289 TGCCTTCAACGCGCAATCAGACTGACTGAAGTACGCGCTTTTCGCGACGG 240  
 731 ysProThrThrIleIleThr..... 738  
 239 TGAATAGCGCGGATTTTGCTGAAGCGCGCGAGTAAATACGCGCGG 190  
 739 .....ThrGlnAlaSerGlyAlaGlyThrLysPro.. 748  
 189 ATTCTTTTGTCTTCAACAGACACTTGGCTTTTTCAGCGCTTCACCTT 140  
 749 ThrIleLeuGlyIleSerSerValSerProSerThrThrLysProGlyT 765  
 139 CTTGATTTTTCATCGAGCGCGCATCGGCACATATTCTTCGCCAAGCAAC 90  
 765 hrThrThrIleIleLys.....ThrIleProMetSer 775  
 89 GCGACTTCGGTAATGCGCGCGCTCATAAATGACTTGTCTCC 48  
 776 AlaIleIleThrGlnAlaGlyAlaThrGlyValThrSerSer 789  
 seq\_name: /cgn2\_6/ptodata/1/1aa/5B\_COMB.pep:US-08-467-822-21

seq\_documentation\_block:  
 ; Sequence 21, Application US/08467822  
 ; Patent No. 584360  
 ; GENERAL INFORMATION:  
 ; APPLICANT: Labigne, Agnes  
 ; APPLICANT: Sauerbaum, Sebastien  
 ; APPLICANT: Ferrero, Richard L.  
 ; APPLICANT: Thiberge, Jean-Michel  
 ; TITLE OF INVENTION: IMMUNOGENIC COMPOSITIONS AGAINST

```

: TITLE OF INVENTION:  HELICOBACTER INFECTION, POLYPEPTIDES FOR USE IN THE
: TITLE OF INVENTION:  COMPOSITIONS, AND NUCLEIC ACID SEQUENCES ENCODING SAID
: TITLE OF INVENTION:  POLYPEPTIDES
: NUMBER OF SEQUENCES:  44
: CORRESPONDENCE ADDRESS:
: ADDRESSEE:  Finnegan, Henderson, Farabow, Garrett &
: ADDRESSEE:  Dunner
: STREET:  1300 I Street, N.W.
: CITY:  Washington
: STATE:  D.C.
: COUNTRY:  USA
: ZIP:  20005-3315
: COMPUTER READABLE FORM:
: MEDIUM TYPE:  Floppy disk
: COMPUTER:  IBM PC compatible
: OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
: SOFTWARE:  Patent In Release #1.0, Version #1.30
: CURRENT APPLICATION DATA:
: APPLICATION NUMBER:  US/08/467,822
: FILING DATE:  06-JUN-1995
: CLASSIFICATION:  435
: PRIOR APPLICATION DATA:
: APPLICATION NUMBER:  US 08/447,177
: FILING DATE:  19-MAY-1995
: CLASSIFICATION:  435
: PRIOR APPLICATION DATA:
: APPLICATION NUMBER:  US 08/432,697
: FILING DATE:  02-MAY-1995
: CLASSIFICATION:  435
: ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
: NAME:  Meyers, Kenneth J.
: REGISTRATION NUMBER:  25,146
: REFERENCE/DOCKET NUMBER:  03495.0137-02000
: TELECOMMUNICATION INFORMATION:
: TELEPHONE:  (202) 408-4000
: TELEFAX:  (202) 408-4400
: INFORMATION FOR SEQ ID NO:  21:
: SEQUENCE CHARACTERISTICS:
: LENGTH:  569 amino acids
: TYPE:  amino acid
: STRANDEDNESS:  single
: TOPOLOGY:  linear
: MOLECULE TYPE:  peptide
: FEATURE:
: NAME/KEY:  Protein
: LOCATION:  1..569
: OTHER INFORMATION:  /note= "URE B - FIGURE 3."
US-08-467-822-21

```

```

|||||:: |||||:: :: |||||::|||
341 ProGlnThrIleAlaAlaGluAspGlnLeuHisAspMetGly..... 354
648 TCCTGGCGGTGAGTGGCAGCACCATTCATTATTCATGCACGCCAGTCGCG 697
354 ..... 354
698 CGAATAAACCCGTGTGGACCACATCAATATCAAGACGTGATTGTTATCGGA 747
355 .....IlePheSerIleThrSerAspSerGlnAlaMetGly 367
748 CGTTTTGCTAAACAGCCGCTGTAATACCGACGCGTGTTGCCITGG 797
|||||:: |||||:: |||
368 ArgVal.....GlyGluValIleThr..... 374
798 CGCCTGCAAGTACAACAAACCGCGCTTGGCTACCGTTTGGGTGCGA 847
375 .....ArgThrTrpGlnThraLa 381
848 AGGTGTCACACTTACCGCGCGCAATTGGTT.....GAGCG 885
|||||:: |||||::|||
381 sPlYsAsnLySylsGluPheGlyArgLeuLysGluLysGlyAspAsn 397
886 GACAAc.....CCCTGATTTCCGTTTCGTTATTAACCGTGC 923
398 AspAsnPheArgIleLysArgTyrlleSerLysTyrrhreIleasnProGI 414
924 GATTGCACAAGCGCGCATGATTATTGGGACGCTACCACATCAGATT 973
:|||||::||| | |||||::|||
414 YlleAlaHisGlyileSerAspTryrValGlyser..... 425
974 CCGTTATCGAAGAAGCCGACGACAAAGCTGTTCCGCTGG..... 1014
|||||:: |||||:: ::||| | |||
426 ....ValgluValGlYLySTyrAlaaSpLeuvallEurTpSerProAla 440
1014 ..... 1014
441 PhePheGlylleyLysProasNMetllelleLysGlyGlyPheilleAlale 457
1015 .....GTTGCGCGCGACCGCGACA 1033
457 uSerGlnMetGlyAspAlaaSnAslSerlleProhrProGInProvalTr 474
1034 ATATCTCATCAGCGCACCACTCTCGGCCATTTCTCTAAAAACAACACT 1083
||| ||| ::||| | |||||::|||
474 yrTYr.....ArgGluMetPheGlyHishiselyLysasnLysPhe 487
1084 TTCAAGTTCCACACAGCGCTCAAC..... 1107
||| |||::|||
488 aspThrAsnlleThrPheValSerGlnAlaAlaTyrrlysAlaglylley 504
1108 .....GGCGCGACCGCGCCATGTCACCGATCGGCACCTTATGAGC 1147
||| ||||| | |||||:: |||
504 sgLuGluLeuGlyLeuAspArgAlaAlaProProValLysasnCySArga 521
1148 GCGTAATCCGTTGGACATC 1167
:::: |::|::|
521 snlleThrLYSLYSASPLeU 527

seq_name: /cgn_6/ptodata/1/iaa/6B_COMB pep.US-08-432-697-21
seq_documentation block:
; Sequence 21, Application US/08432697
; Patent No. 6248330
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Labigne, Agnes
; APPLICANT: Sauerbaum, Sebastien
; APPLICANT: Ferrero, Richard L.
; APPLICANT: Thiberge, Jean-Michel
; TITLE OF INVENTION: IMMUNOGENIC COMPOSITIONS AGAINST
; TITLE OF INVENTION: HELICOBLACTER INFECTION, POLYPEPTIDES FOR
; TITLE OF INVENTION: COMPOSITIONS, AND NUCLEIC ACID SEQUENCES
; TITLE OF INVENTION: POLYPEPTIDES
```

```

; NUMBER OF SEQUENCES: 44
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Finnegan, Henderson, Farabow, Garrett &
; ADDRESS: Dunner
; STREET: 1300 I Street, N.W.
; CITY: Washington
; STATE: D.C.
; COUNTRY: USA
; ZIP: 20005-3315
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: Patent in Release #1.0, Version #1.30
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/432,697
; FILING DATE: 02-MAY-1995
; CLASSIFICATION: 424
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Meyers, Kenneth J.
; REGISTRATION NUMBER: 25,146
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 03495.0137-00000
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (202) 408-4000
; TELEFAX: (202) 408-4400
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 21:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 569 amino acids
; TYPE: amino acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: peptide
; FEATURE:
; NAME/KEY: Protein
; LOCATION: 1..569
; OTHER INFORMATION: /note= "URE B - FIGURE 3."
; US-08-432-697-21

alignment_scores
Quality: 97.50 Length: 290
Ratio: 0.894 Gaps: 11
Percent Similarity: 37.586 Percent Identity: 21.034

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-08-432-697-21 ..
Align seg 1/1 to: US-08-432-697-21 from: 1 to: 569
472 CCGCTGGCTGCCGACCCCTAGCTCATCAAGAGACCGCGGAAAGACTT 521
||| :||||:|||||: : : : :
297 ProAlaSerThrAsnProThrIleProPheThrLysAsnThrGluAlaG1 313
522 CAACAGCGGCTGTGTGTTATGACCGCCCTGACCGACGTAATCCATG 571
||| :||||:|||||: : : : :
313 uHisMetAspMetLeuMetValCysHis.....HISL 324
572 TGTGTAAAGACGACGCGGCGACGCTG..... 597
||| :||||:|||||:
324 euAspLysSerIleLysGluValGlnPheAlaAspSerArgIleArg 340
598 CCGCTGAAATGCTGCCAATATCGAACACATGAATTTGGCGCCGCGCA 647
||||| :||||:|||||:
341 ProGlnThrIleAlaAlaGluAspGlnLeuHisAspMetGly..... 354
648 TCCTCGCGCTGAGTGGCAGCGACATTCATTTCATCGAGCCAGTCGCG 697
354 ..... 354
698 CGAATAAAGCGGTGTGACCATCAATTATCAAGACGCTGATTCGGA 747
||||| :||||:|||||:
355 .....IlePheSerIleThrSerAspSerGlnAlaMetGly 367

```

```

748 CGTTTGTCTCAACAGCGCGTCTGAATACCGAGCGCGTGTGCTTGGG 797
||||| :||||:|||||:
368 ArgVal.....GlyGluValIleThr..... 374
798 CGGCTGCAAGTCAACAAACGCGCCTCTTCGCGTACCGTTCGCGTGG 847
||||| :||||:|||||:
375 .....ArgThrTrpGlnThrAla 381
848 AGGTGTCTCAACAGCGCGCGCAATTTGTT.....GAGCGG 885
||||| :||||:|||||:
381 spLysAsnLysLysGluPheGlyArgLeuLysGluLysGlyAspAsn 397
886 CACAAC.....CGCGTATTTCCGGTTCGGTATGTAACGCGTGC 923
||||| :||||:|||||:
398 AspAsnPheArgIleLysArgTyrIleSerLysTyrThrIleAsnProG1 414
924 GATGTCACAGCGCGCGCATGATTTATTTGGGACGCTACCAATCAGATT 973
||||| :||||:|||||:
414 YleAlaHisGlyIleSerAspTyrValGlySer..... 425
974 CCGTTATCGAAGAGCGCGCAGCAAGAGCTGTTTCGGCTGG..... 1014
||||| :||||:|||||:
426 .....ValGluValGlyLysTyrAlaAspLeuValLeuTrpSerProAla 440
1014 ..... 1014
441 PhePheGlyIleLysProAsnMetIleIleLysGlyGlyPheIleAlaLe 457
1015 .....GTTCCGCGCGCAGCGCGGACA 1033
457 uSerGlnMetGlyAspAlaAsnAlaSerIleProThrProGlnProValT 474
1034 AATACTCCATCAGCGCGCACCTCTCGCCCATTTCTTAAACAAACTC 1083
||||| :||||:|||||:
474 yrTyr.....ArgGluMetPheGlyHisHisGlyLysAsnLysPhe 487
1084 TTCAAGTTTCAGCAGCAGCGCTCAAC..... 1107
||||| :||||:|||||:
488 AspThrAsnIleThrPheValSerGlnAlaAlaTyrLysAlaGlyIleLy 504
1108 .....GGCGGCGACCGCGCATCGGATCGGACGCTTATGAGC 1147
||||| :||||:|||||:
504 sGluGluLeuGlyLeuAspArgAlaAlaProProValLysAsnCysArgA 521
1148 GCGTAATGCGTGTGGACATC 1167
||||| :||||:|||||:
521 snIleThrLysLysAspLeu 527

seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/6B_COMB.pep:US-08-466-248-21

seq_documentation_block:
; Sequence 21, Application US/08466248
; Patent No. 6258359
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Labigne, Agnes
; APPLICANT: Sauerbaum, Sebastien
; APPLICANT: Ferrero, Richard L.
; APPLICANT: Thibierge, Jean-Michel
; TITLE OF INVENTION: IMMUNOGENIC COMPOSITIONS AGAINST
; TITLE OF INVENTION: HELICOBACTER INFECTION, POLYPEPTIDES FOR USE IN THE
; TITLE OF INVENTION: COMPOSITIONS, AND NUCLEIC ACID SEQUENCES ENCODING SAID
; TITLE OF INVENTION: POLYPEPTIDES
; NUMBER OF SEQUENCES: 44
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Finnegan, Henderson, Farabow, Garrett &
; ADDRESS: Dunner
; STREET: 1300 I Street, N.W.
; CITY: Washington
; STATE: D.C.
; COUNTRY: USA
; ZIP: 20005-3315
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk

```

```

;
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/466,248
; FILING DATE: 06-JUN-1995
; CLASSIFICATION: 435
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 08/447,177
; FILING DATE: 19-MAY-1995
; CLASSIFICATION: 435
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 08/432,697
; FILING DATE: 02-MAY-1995
; CLASSIFICATION: 435
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Meyers, Kenneth J.
; REGISTRATION NUMBER: 25,146
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 03495,0137-02000
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (202) 408-4000
; TELEFAX: (202) 408-4400
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 21:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 569 amino acids
; TYPE: amino acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: peptide
; FEATURE:
; NAME/KEY: Protein
; LOCATION: 1..569
; OTHER INFORMATION: /note= "URE B - FIGURE 3."
;
US-08-466-248-21

```

```

alignment_scores:
  Quality: 97.50      Length: 290
  Ratio: 0.894       Gaps: 11
  Percent Similarity: 37.586   Percent Identity: 21.034

alignment_block:
US-09-303-518d-131 x US-08-466-248-21 ..
Align seg 1/1 to: US-08-466-248-21 from: 1 to: 569

472 CGCTGGCTGCGCGACCTACGCTCATCAAGAAGCGCGGAGACTT 521
   ||| .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
297 ProAlaSerThrAsnProThrIleProPheThrLysAsnThrGluAlaG1 313
   .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
522 CAACCGCGCGCTGTGGTATTGAGCGCGCTGACCGAAGCTAAATCCATG 571
   .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
313 uHisMetAspMetLeuMetValcysHis.....HisL 324
   .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
572 TGTGTAAGACGACGCGCGACGCTG..... 597
   :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
324 euAspLysSerIleLysGluAspValGlnPheAlaAspSerArgIleArg 340
   .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
598 CCGTCTGAAATGTCGCAATATCAACACATGAATTTGGCGCGCGCA 647
   .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
341 ProGlnThrIleAlaAlaGluAspGlnLeuHisAspMetGly..... 354
   .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
648 TCCTGCGCGCTTGAGTGGCGGACGACATTCATTCATCGACCGAGTGGCG 697
   .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
354 ..... 354
698 CGAATAAACCGTGTGACCATCAATATCAAGACGCTGATTGCTATCGGA 747
   .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
355 .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
748 CGTTTGTTCGTAAACAGCGCGCTCAATACCGAGCGGCTGCTTGGCTGGG 797
   .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
368 ArgVal.....GlyGluValIleThr..... 374

```

```

798 CGGCTGCAAGTCAACAAACCCGCGCTCTCGTACCGTTTGGTGCGA 847
   ||||| .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
375 .....:ArgThrTrpGlnThrAlaA 381
   .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
848 AGGTGTCTCAACTTACCGCGCGGAATTGGTT.....GACGCG 885
   :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
381 spLysAsnLysLysGluPheGlyArgLeuLysGluLysGlyAspAsn 397
   .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
886 GACAAAC.....CGCGTGATTTCCGGTTCGGTATTGAACGGTGC 923
   ||||| .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
398 AspAsnPheArgIleLysArgTyrIleSerLysTyrThrIleAsnProG1 414
   :|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
924 GATTGCACAGCGCGCATGATTATTGGGACGCTACCAATCAGATTT 973
   :|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
414 yIleAlaHisGlyIleSerAspTyrValGlySer..... 425
   .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
974 CCGTTATCGAAGAGCGCGAGCAAGAGCTGTCGGCTGG..... 1014
   :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
426 .....ValGluValGlyLysTyrAlaAspLeuValLeuTrpSerProAla 440
   .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
1014 ..... 1014
441 PhePheGlyIleLysProAsnMetIleIleLysGlyGlyPheIleAlaLe 457
   .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
1015 .....GTTGCGCGCGCGGACA 1033
   .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
457 uSerGlnMetGlyAspAlaAsnAlaSerIleProThrProGlnProValT 474
   .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
1034 AATATCCATCAGCGCGACCCACTCTCGGCCATTTCCTAAAAACAACACTC 1083
   ||| .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
474 yTyr.....ArgGluMetPheGlyHisGlyLysAsnLysPhe 487
   .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
1084 TTCAGTTCAGACGCGGTCAAC..... 1107
   ||| .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
488 AspThrAsnIleThrPheValSerGlnAlaAlaTyrLysAlaGlyIleLy 504
   .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
1108 .....GCGCGCGCGCGCGCGCTGCTACGATCGGCGACTATGAGC 1147
   ||| .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
504 sGluGluLeuGlyLeuAspArgAlaAlaProProValLysAsnCysArgA 521
   .....:|||||:  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
1148 GCGTAATGCGGTGGACATC 1167
   :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
521 snIleThrLysLysAspLeu 527

```

seq\_name: /cgn2\_6/ptodata/1/iaa/6B\_COMB.pep:US-09-096-399-2

```

seq_documentation_block:
; Sequence 2, Application US/09096399A
; Patent No. 6130045
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Wurst, Helmut
; APPLICANT: Qui, Zhi-Hao
; TITLE OF INVENTION: Thermostable Polymerase
; FILE REFERENCE: CLON-007
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/096.399A
; CURRENT FILING DATE: 1998-06-11
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 4
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 2
; LENGTH: 553
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: Recombinantly engineered mutant
US-09-096-399-2

```

```

alignment_scores:
  Quality: 97.00      Length: 371
  Ratio: 0.584       Gaps: 19
  Percent Similarity: 44.744   Percent Identity: 22.102

```

alignment\_block:

US-09-303-518d-131 x US-09-096-399-2

Align seg 1/1 to: US-09-096-399-2 from: 1 to: 553

```

1 ATCATTAATAATCAAAAAGGTCTAAATCTGCCATCGCGGCGAGACCGGA 50
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
79 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuProGlyAspProme 95
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
51 GCAAGTCATTATGACGGCGCGCCATTACCGAAGTCGCGTTGGCG 100
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
95 tLeuLeuAlaTyR.....LeuLeuAsp. 102
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
101 AGAATATGTCGGCATCGCCCTCATGAATCAAGGAAGTGAAGCC 150
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
103 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 112
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
151 GTCAAAAAGGCCAAGTCGTGTTTGAAGACAAAAGAAATCCGGCGTAGT 200
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
113 ArgArgTyRGlyGluThrThrGluGlu..... 122
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
201 ATTACTGCGCGCGCTTCAGCAAAATCGCGCTATTACCGTGGCGAAA 250
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
123 .....AlaGlyGluArgAlaLeu.....SerG 131
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
251 AGCGCTACTTCAGTCAGTCGTGATTGCCGTTGAAGCAACGACGAAATC 300
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
131 LuArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 147
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
301 .....GAGTTCAAGCGTCAGTACCTGAAAGCGTGGCAAA 335
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
148 LeuTrpLeuTyRArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 164
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
336 ATTGAGCAGCAAAAGTGGCGCCGACCTGATTCATCAGCTTATGGA 385
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
164 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyRLeuA 178
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
386 CTGCGCTTCGACCCGCTTCAGCAAAATCCGCTAGATGCGGAG,435
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
178 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluLeuAlaArgLeuGluAlaGlu 194
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
436 CCGTTGCGCATCTTCGTCATGCGATGCGACCAATCCGTTGGTCCGA 485
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
195 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 211
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
486 CCCTACGTCATCATCAAGAGCGCGGAGACTTCAACGCGGCGCTGT 535
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
211 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 222
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
536 TGGTATTGAGCGCGCTGACCGAAGCTAAATCCATGTGTGTAAAGCAGA 585
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
222 roAlaIleGlyLys...ThrGlyLys..... 229
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
586 GCGCAGACGTGCGCTGTGAATAATGTCGCCATATCAACACACATGATT 635
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
230 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 243
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
636 TGGCGCGCGCATCGTGGCGCTTGTAGTGGCAGCACATTCATTTCATCG 685
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
243 uArgGluAlaHisPro.....lleValG 251
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
686 AGCCAGTCGGCGGCAATAAACCGTGTGGACCATCAATTATCAAGACGTG 735
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
251 luLysIle.....LeuGlnTyRArgGluLeu 259
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
736 ATTGCTATCGGACGTTTGTTCGTA..... 759
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
260 ThrLysLeuLysSerThrTyRileAspProLeuProAspLeuIleHisPr 276
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
760 .....ACAGCGCTCTGAATACC.....GAGCGCTGTGCTGCTGG 796
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
276 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 293

```

```

797 GCGCCTGCAAGTCAACAACCGCGCTC.....TTGCGGTACC 834
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
293 lyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 309
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
835 GTTTTGGGTGCGAAGGTGCTCAACTTACCGCGCGCAA..... 873
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
310 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGlyTrpLe 326
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
874 .TTGGTTACGCGGACCAACCGGTGATTTCGGTTCGGTATTGAACGGTG 922
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
326 uLeuValAlaLeuAspTyRserGlnIleGluLeuArgValleu..... 340
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
923 CGATTGCACAAGCGCGCATGATTATTGGACGCTACCAATCAGATT 972
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
341 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 350
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
973 TCCGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTCGGCTGGT 1016
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
351 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 367
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1017 TCGCGCGCGAGCGC 1029
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
367 tPheGlyValPro 371
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/5A_COMB.pep:US-08-021-623C-6
seq_documentation_block:
: Sequence 6, Application US/08021623C
: Patent No. 5436149
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT: Barnes Ph.D., Wayne M.
: TITLE OF INVENTION: Thermostable DNA polymerase with
: TITLE OF INVENTION: enhanced thermostability and enhanced length and
: TITLE OF INVENTION: efficiency of primer extension
: NUMBER OF SEQUENCES: 17
: CORRESPONDENCE ADDRESS:
: ADDRESSEE: Senninger, Powers, Leavitt and Roedel
: STREET: One Metropolitan Square, 16th Floor
: CITY: St. Louis
: STATE: Missouri
: COUNTRY: USA
: ZIP: 63102
: COMPUTER READABLE FORM:
: MEDIUM TYPE: Floppy disk, 5.25", 360 kb.
: COMPUTER: IBM PC compatible
: OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
: SOFTWARE: PatentIn 1.0, v1.25; EDIX; Wordperfect.
: CURRENT APPLICATION DATA:
: APPLICATION NUMBER: US/08/021,623C
: FILING DATE: 19-FEB-1993
: CLASSIFICATION: 435
: ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
: NAME: Blosser, G. Harley
: REGISTRATION NUMBER: 33,650
: REFERENCE/DOCKET NUMBER: WNB4900
: TELECOMMUNICATION INFORMATION:
: TELEPHONE: 314/231-5400
: TELEFAX: 314/231-4342
: TELEX: 6502697583 MCI
: INFORMATION FOR SEQ ID NO: 6:
: SEQUENCE CHARACTERISTICS:
: LENGTH: 554 amino acids
: TYPE: amino acid
: TOPOLOGY: linear
: MOLECULE TYPE: protein
: US-08-021-623C-6

```

alignment\_scores:  
Quality: 97.00 Length: 371  
Ratio: 0.584 Gaps: 19  
Percent Similarity: 44.744 Percent Identity: 22.102



## alignment\_block:

```
US-09-303-518D-131 x US-08-021-623C-6
Align seg 1/1 to: US-08-021-623C-6 from: 1 to: 554

1 ATGATTAAATCAAAAAAGGTCTAAATCTGCCATCGCGGCGAGACCGGA 50
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
80 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspProme 96
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
51 GCAAGTCATTATGACGGCCCGCCATTACCGAAGTCGGCTGCTTGGCG 100
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
96 tleuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 103
101 AAGAATATCTCGCATCGCCCTCGATGAAATCAAGGAAGGTGAAGCC 150
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
104 .....ProSerAsnThrProGluGlyValAla 113
151 GTCAAAAAGGCCAAGTCTGTTTGAAGACAAAAAGAAATCCGGCGTAGT 200
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
114 ArgArgTyrGlyGlyGluThrGluGlu..... 123
201 ATTTACTGCGCGGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTACCGTGGCGAAA' 250
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
124 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....SerG 132
251 AGCGGTACTTCAGTCAGTCGTGATTGCCGTGAAGGCAACGACGAAATC 300
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
132 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 148
301 .....GAGTTCGAAAGCTACGTACCTGAAGCGCTGGCGAAA 335
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
149 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaH 165
336 ATTGACGCGGAAAAAGTGCAGCAACCTGATTCAATCAGGCTTATGGA' 385
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
165 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 179
386 CTGCGCTTCGACCGCTCGGTTCAGCAAAATCCCTGCGGTAGATCCGAG 435
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
179 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluAlaArgLeuGluAlaGlu 195
436 CCGTTCGCGCATCTTCGTCATTCGATGGACACCAATCCGCTGGTCCGA 485
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
196 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGla 212
486 CCCTACGCTCATCATCAAGAACGCGCGAAGACTTCAAAACGCGCGCTGT 535
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
212 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeup 223
536 TGGTATTGAGCGGCTGACCGCAACGTAATCCATGTGTGTAAGACGCA 585
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
223 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys..... 230
586 GCGCGAGAGTGCCTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 635
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
231 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 244
636 TGCGCGCCCGCATCTCGCGCTTGAAGTGGCAGCCACATTCATTTCATCG 685
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
244 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 252
686 AGCCAGTGGCGGCGAATAAAACCGTGTGGACCATCAATATCAAGACGTG 735
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
252 luLysIle.....LeuGlnTyrArgGluLeu. 260
736 ATTCCTATCGGACGTTTTCGTA..... 759
261 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 277
760 ....ACAGGCGGCTGTAATACC.....GAGCGGCTGTTGCCCTGG 796
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
277 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaIleAlaThrG 294
```

```

201 ATTACTGCGCGGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTACCGTGGCGAA 250
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
129 .....AlaGlyuArgAlaAlaLeu.....SerG 137
251 AGCGCTACTTCAGTCAGTCGCTGATTGCGCTGAGGCAACGACGAAATC 300
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
137 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 153
301 .....GAGTCGACGCTACGTACCTACCTGAAGCGCTGGCAAA 335
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
154 LeuTrpLeuTyArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 170
336 ATTGACGAGGAAAGTGGCGCGCACTGATTCAATCAGGCTTATGGA 385
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
170 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyLeuA 184
386 CTGCGCTTCGACCCGCTCGCTTCAGCAAAATCCCTCGCTAGATGCGGAG 435
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
184 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluAlaArgLeuGluAlaGlu 200
436 CCGTTCGCACTTCGTCATGCGATGGACCAATCCGCTGCTGCCGA 485
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
201 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 217
486 CCCTACGCTCATCATCAAGAGCGCGCAAGACTTCAAAACGCGGCTGT 535
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
217 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 228
536 TGTATTGACCGCGCTGACGCAACGTAATATCCATGTGTGTAAGCAGCA 585
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
228 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys..... 235
586 GGCCACGACGCTGCGCTGAAATGTCGCAATATCGAAACACATGAAT 635
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
236 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 249
636 TGGCGGCGCGCATCTCGCGCTTGAGTGGCAGCACATTCATTTCATCG 685
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
249 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 257
686 AGCCAGTCGGCGGCAATAAAACCGTGGACCATCAATTATCAAGCGTG 735
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
257 luLysIle.....LeuGlnTyArgGluLeu
736 ATTGCTATCGGACGCTTGTTCGTA..... 759
266 ThrLysLeuLysSerThrTyriLeAspProLeuProAspLeuIleHisPr 282
760 ...ACAGCGCGCTGTAATACC.....GAGCGCGTGGTTCCTTGG 796
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
282 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 299
797 CGCGCTGCAAGTCAACAAACCGCGCTC.....TTGCGTACC 834
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
299 lyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 315
835 GTTTTGGGTGGAAGTGTCTCAACTTACCGCGCGGAA..... 873
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
316 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGlyTrpLe 332
874 .TTGTTGACGCGGACAAACCGCGTATTCGGTTCGGTATTGAACGGTG 922
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
332 uLeuValAlaLeuAspTySerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 346
923 CGATTGCACAGGCGCGCATGATTATTGGGACGCTACCAATCAGATT 972
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
347 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 356
973 TCCGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTTCGGCTGGGT 1016
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
357 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 373
1017 TCGCGCGGACGCG 1029
```

```

373 tPheGlyValPro 377
seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/5B_COMB.pep:US-08-484-956-87

seq_documentation_block:
; Sequence 87, Application US/08484956
; Patent No. 5843654
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: DAHLBERG, JAMES E.
; APPLICANT: LYAMICHEV, VICTOR I.
; APPLICANT: BROW, MARY ANN D.
; APPLICANT: OLDENBURG, MARY C.
; APPLICANT: HEISLER, LAURA
; TITLE OF INVENTION: DETECTION OF p53 MUTATIONS
; NUMBER OF SEQUENCES: 114
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: HAVERSTOCK, MEDLEN & CARROLL
; STREET: 220 MONTGOMERY STREET, SUITE 2200
; CITY: SAN FRANCISCO
; STATE: CALIFORNIA
; COUNTRY: UNITED STATES OF AMERICA
; ZIP: 94104
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/484,956
; FILING DATE:
; CLASSIFICATION: 435
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 08/402,601
; FILING DATE: 09-MAR-1995
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 08/337,164
; FILING DATE: 09-NOV-1994
; APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 08/254,359
; FILING DATE: 06-JUN-1994
; APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 08/073,384
; FILING DATE: 04-JUN-1993
; APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 07/986,330
; FILING DATE: 07-DEC-1992
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: CARROLL, J. PETER G.
; REGISTRATION NUMBER: 32,837
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: FORS-01801
; TELEPHONE: (415) 705-8410
; TELEFAX: (415) 705-8338
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 87:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 695 amino acids
; TYPE: amino acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
; US-08-484-956-87

alignment_scores:
Quality: 97.00 Length: 371
Ratio: 0.584 Gaps: 19
Percent Similarity: 44.744 Percent Identity: 22.102

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-08-484-956-87 ..
Align seg 1/1 to: US-08-484-956-87 from: 1 to: 695
```

```
1 ATGATTAAATCAAAAAGGTCTAAATCTGCCATCGCGGCGAGCCGA 50
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
359 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspProMe 375
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
51 GCAAGTCATTTATGACGCGCGCCCATACCGAAGTCGCGTGTGGG 100
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
375 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp.....382
101 AAGAATATCTCGCATCGCCCTCGATGAATAATCAAGGAAGGTGAAGCC 150
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
383 .....ProSerAsnThrProGluGlyValAla 392
151 GTCAAAAAGCCAAAGTGTGTTGAAGCAAAAAGAAATCCGGCGGTAGT 200
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
393 ArgArgTyrGlyGluTrpThrGlu.....402
201 ATTACTGCGCGCTTCAGGCAAAATCCGCTATTACCGTGGCGAAA 250
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
403 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....SerG 411
251 AGCGGCTACTTCAGTCAGTCGTTGCGTTGAAGCAACGACGCAATC 300
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
411 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 427
301 .....GAGTTCGAACGCTACGTACCTGAAGCGCTGGCAAA 335
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
428 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 444
336 ATTGAGCAGCAAAAGTGCCTGCGCGCAACCTGATTCATCAGCTTATGA 385
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
444 smetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 458
386 CTGCGCTTCGACCGCTCGCTTCAGCAAAATCCCTGATGATGCGGAG 435
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
458 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGlyGluLeAlaArgLeuGluAlaGlu 474
436 CCGTTCGCATCTTCGTCATGCGATGACACCAATCCATCGGTGGTGGCGA 485
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
475 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 491
486 CCCTACGCTCATCAATCAAGAGCGCGCGAGAGCTTCAAAAGCGCGCTGT 535
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
491 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 502
536 TGGTATTGAGCGCGCTGACCGCAACGTAATCCATGTGTGTAAGACGCA 585
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
502 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys.....509
586 GCGCAGACGTGCGCTCTGAAATGCTCCCAATATCGAACAACATGAATT 635
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
510 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 523
636 TGGCGCGCGCATCTGCGCGCTTGTAGTGGCAGCAGCATTCATTTCATCG 685
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
523 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 531
686 AGCAGTCGCGCGCAATAAACCCTGTGGACCATCAATATCAAGACGTG 735
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
531 luLysIle.....LeuGlnTyrArgGluLeu 539
736 ATTGCTATCGGACGCTTGTTCGTA.....759
540 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuLeHisPr 556
760 ....ACAGCGCGTCTGAATACC.....GAGCGGTGCTGCTGCTGG 796
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
556 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 573
797 GCGCGCTGCAAGTCAACAACCGCGCTC.....TTGCGGTACC 834
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
573 lyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 589
```

```
835 GTTTGGGTGCGAAGGTGCTCTCAACTTACCGCGCGCAA.....873
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
590 ProLeuGlyGlnArgAlaPheAlaGluGlyTrpLe 606
874 .TTGGTTGACGCGGACAAACCGGTGATTCCGGTTCGGTATTGAACGGTG 922
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
606 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu.....620
923 CGATTGCACAAGCGCGCATGATTATTGGGACGCGCTACCAATCAGATT 972
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
621 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 630
973 TCCGTTATCGAAGCGCGCGAGC.....AAAGAGCTGTTCCGGTGGGT 1016
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
631 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 647
1017 TGCGCCGCGACCG 1029
   :::::
647 tPheGlyValPro 651

seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/5B_COMB.pep:US-08-757-653-87
seq_documentation_block:
; Sequence 87, Application US/08757653
; Patent No. 5843669
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Kaiser, Michael W.
; APPLICANT: Lyamichiev, Victor I.
; APPLICANT: Lyamichiev, Natasha
; TITLE OF INVENTION: Cleavage Of Nucleic Acid Using
; TITLE OF INVENTION: Thermostable FEN-1 Endonucleases
; NUMBER OF SEQUENCES: 190
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Medlen & Carroll, LLP
; STREET: 220 Montgomery Street, Suite 2200
; CITY: San Francisco
; STATE: California
; COUNTRY: United States Of America
; ZIP: 94104
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/757,653
; FILING DATE:
; CLASSIFICATION: 435
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Ingolia, Diane E.
; REGISTRATION NUMBER: 40,027
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: FORS-02565
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (415) 705-8410
; TELEFAX: (415) 397-8338
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 87:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 695 amino acids
; TYPE: amino acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
US-08-757-653-87
```

```
alignment_scores:
  Quality: 97.00      Length: 371
  Ratio: 0.584      Gaps: 19
  Percent Similarity: 44.744      Percent Identity: 22.102

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-08-757-653-87
```

[illegible]

```
410 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 426
301 .....GAGTTCGAACCTAGTACCTGAGCGCTGCACAA 335
    ||| ||||| |||
427 LeuTrpLeuTyArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaH1 443
336 ATTGACGAGGAAAAAGTGGCGGCAACCTGATTCAATCAGGCTTATGGA 385
    ||||| ||||| |||||
443 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyLeuA 457
386 CTGCGTTCGCACCGCTCGTTCAGCAAAATCCCTCCCTAGATCCGAG 435
    ||||| ||||| |||||
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluLeuAlaArgLeuGluAlaGlu 473
436 CGGTTCCGCTCTTCGTCATCGATGAGACACCAATCCGCTGCCTGCGCA 485
    ||| ||| ||| |||
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490
486 CCTACGGTCATCATCAAGAACGCCCGCAAGACTTCAACCGCGCTGT 535
    ||||| ||||| |||||
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501
536 TGGTATTGAGCGCGCTGACCGAGCAAGCTAAATCCATGTGTGTAAGCAGCA 585
    ||||| ||||| |||||
501 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys..... 508
586 GCGGACGAGCTGCCGTCTGAAATGCTGCCAATATCAACACACATGAATT 635
    ||| ||| ||||| |||||
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522
636 TGGCGCGCGCATCTCGCGGCTTGAGTGGCAGCACATTCATTTTCATCG 685
    ||||| ||||| |||||
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530
686 ACCGATCGCGCGCAATAAAACCGTGTGGACCATCAATTATCAACAGCTG 735
    || ||| ||| ||||| |||||
530 luLysile.....LeuGlnTyArgGluLeu 538
736 ATTGCTATCGACGTTTCTTGTGTA..... 759
539 ThrLysLeuLysSerThrTyIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555
760 ...ACAGCGCTCTGAATACG.....GAGCGCGTGTGCTGCTGG 796
    ||||| ||||| |||||
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
797 GCGGCTGCAAGTCAACAAACCGCGCTC.....TTGGTACC 834
    || ||||| ||||| |||||
572 lyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
835 GTTTTGGTGGCAAGGTGCTCACTTACCGCGCGGAA..... 873
    ||||| ||||| |||||
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGluGlyTrpLe 605
874 .TTGGTTGACGCGGACACCGCGTATTTCGGTTCGGTATGGAACGGTG 922
    ||||| ||| ||||| |||||
605 uLeuValAlaLeuAspTySerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
923 CGATTGACAAAGCGCGCATGATTATTGGGACGCTACCAATFCAGATT 972
    ||||| ||||| |||||
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
973 TCCGTTATGAAGAGCGCGCAGC.....AAGAGCTGTTCGCGCTGGT 1016
    ||||| ||||| ||||| |||||
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 646
1017 TGGCGCGCACCGCG 1029
    |||
646 tPheGlyValPro 650
```

seq\_name: /cgn2\_6/ptodata/1/1aa/6B\_COMB.pap.us-09-777-537-2

seq\_documentation\_block:

```
; Sequence 2, Application US/09777537
; Patent No. 6316202
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Barnes, Wayne M
; APPLICANT: Kermekchiev, Milko B
; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACIDS ENCODING COLD SENSITIVE MUTANT DNA
; TITLE OF INVENTION: POLIMERASES
; FILE REFERENCE: WSHU 2009.1
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/777,537
; CURRENT FILING DATE: 2001-02-06
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/587,856
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-06
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 9
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 2
; LENGTH: 810
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Thermus aquaticus
; US-09-777-537-2
```

```
alignment_scores:
  Quality: 97.00      Length: 371
  Ratio: 0.584       Gaps: 19
  Percent Similarity: 44.744  Percent Identity: 22.102
```

alignment\_block:

US-09-303-518D-131 x US-09-777-537-2 ..

Align seg 1/1 to: US-09-777-537-2 from: 1 to: 810

```
1 ATGATTAATAATCAAAAAAGCTAAATCTGCCCATCCGCGGACAGCGGA 50
    ||||| ||||| ||||| |||||
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspProme 374
51 GCAAGTCATTATGACGCGCGCCCATACCGAAGTCGCGTTCGTTGGCG 100
    ||| ||| |||||
374 tLeuLeuAlaTy.....LeuLeuAsp. 381
101 AAGNATATGCGGATCGCGCCCTCGATGAAATCAAGGAAGTGAAGCC 150
    ||||| ||||| |||||
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391
151 GTCAAAAAAGGCCAAGTGCCTTTGAAGACAAAGAAATCCGCGCTAGT 200
    ||| ||| |||||
392 ArgArgTyGlyGlyGluTrpThrGluGlu..... 401
201 ATTTACTGCGCGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTACCGTGGCGAAA 250
    ||||| ||||| |||||
402 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....SerG 410
251 AGCGCGTACTTCAGTCAGTCGATGTCGCGTTCAGGCAACGACGAAATC 300
    ||||| ||||| |||||
410 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 426
301 .....GAGTTCGAACCTAGTACCTGAGCGCTGCACAA 335
    ||| ||||| |||||
427 LeuTrpLeuTyArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaH1 443
336 ATTGACGAGGAAAAAGTGGCGGCAACCTGATTCAATCAGGCTTATGGA 385
    ||||| ||||| |||||
443 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyLeuA 457
386 CTGCGTTCGCACCGCTCGTTCAGCAAAATCCCTCCCTAGATCCGAG 435
    ||||| ||||| |||||
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluIleAlaArgLeuGluAlaGlu 473
436 CGGTTCCGCTCTTCGTCATCGATGAGACACCAATCCGCTGCCTGCGCA 485
    ||| ||| ||| |||
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490
486 CCTACGGTCATCATCAAGAACGCCCGCAAGACTTCAACCGCGCTGT 535
    ||||| ||||| |||||
```

```

490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501
536 TGTATTGAGCCGCTGACGAAAGTAAATCATGTGTAAAGCAGCA 585
501 rolaileGlyLys...ThrGluLys..... 508
586 GGGCAGACGTGGCTGCTGAAATGTCGCAATATCGAACAACATGAATT 635
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522
636 TGGCGGCCGCTGCGGCTTGAGTGGCAGCACATTCATTTCATCG 685
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530
686 AGCCAGTGGCGGCGAATAAACCCTGTGGACCATCAATATCAAGACGTG 735
530 lulylle.....LeuGlnTyrArgGluLeu 538
736 ATTGCTATCGAGCTTTGTTTCGTA..... 759
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555
760 ....ACAGCGCGCTGAATACC.....GAGCGCGTGGTTCCTTGG 796
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
797 GCGCGCTGCAAGTCAACAACCGGCGCTC.....TTGCGTACC 834
572 lArgLeuSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
835 GTTTGGTGGGAGGTGTCTCACTTACCAGCGCGGCGAA..... 873
589 ProLeuGlnArgIleArgArgAlaPheIleAlaGluGluGlyTrpLe 605
874 TTGGTTGACGCGGACAAACCGCGTATTCGGTTCGGTATTTGAACGGTG 922
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
923 CGATTGCACAGCGCGCGCATTTTGGGACGCTACCAACATCAGATT 972
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
973 TCCGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTCGCTGGGT 1016
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 646
1017 TCGCGCGCGAGCGG 1029
646 tPheGlyValPro 650

seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/6B_comb.pep:us-09-777-538-2

seq_documentation_block:
; Sequence 2, Application: US/09777538
; Patent No. 633159
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Kermekchiev, Milko B
; TITLE OF INVENTION: COLD SENSITIVE MUTANT DNA POLYMERASES AND METHODS OF
; TITLE OF INVENTION: USE THEREOF
; FILE REFERENCE: WSHU 2009.2
; CURRENT FILING DATE: 2001-02-06
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-06
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 9
; SOFTWARE: Patentin ver. 2.1
; SEQ ID NO 2
; LENGTH: 810
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Thermus aquaticus
US-09-777-538-2

```

```

alignment_scores:
Quality: 97.00 Length: 371
Ratio: 0.584 Gaps: 19
Percent Similarity: 44.744 Percent Identity: 22.102

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-09-777-538-2 ..
Align seg 1/1 to: US-09-777-538-2 from: 1 to: 810

1 ATGATTAATAAATCAAAAAAGTCTAAATCTGCCATCGCGGCGACAGCCGA 50
538 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuProGlyLeuProGlyAspAspProme 374
51 GCAAGTCAATTTATGACGCCCGCGGCAATACGAAGTCCGCTTGGTGGCG 100
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381
101 AAGAATATGTCGGCATGCGCCCTCGATGATAAATCAAGGAAGGTGAAGCC 150
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391
151 GTCAAAAAAGCCCAAGTCTGTTTGAACAGCAAAAGAAATCCGGCGGTAGT 200
392 ArgArgTyrGlyGlyGluTrpThrGluGlu..... 401
201 ATTTACTGCGCGGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTCAACGTTGGCGAAA 250
402 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....SerG 410
251 AGCGCGTACTTCAGTCAGTCGTGATTGCGGTTGAAGGCAACGACGAATC 300
410 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGluGlyGluArgLeu 426
301 .....GAGTTCGAACGCTAGCTACCTGAAGCGCTGGCAAA 335
427 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443
336 ATTGACGACGAAAAAGTGCAGCGCAACCTGATTCATCAGGCTTATGGA 385
443 smetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457
386 CTGCGGTTGCGACCGCTCGCTTCACCAAAATCCCTCCCTAGATCGCGAG 435
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluIleAlaArgLeuGluAlaGlu 473
436 CGGTTCCGCTATTCGTCAATGCGATGACACCAATTCCTGCTGGTGGCGA 485
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490
486 CCCTACGCTCATCATCAAAAGACCGCGCGCAAGACTTCAACCGCGGCTGT 535
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501
536 TGGTATTGACCGCGCTGACGAGCAAGTAAATCCATGTGTAAAGCAGCA 585
501 rolaileGlyLys...ThrGluLys..... 508
586 GGGCAGACGTGGCTGCTGAAATGTCGCAATATCGAACAACATGAATT 635
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522
636 TGGCGGCCGCTGCGGCTTGAGTGGCAGCACATTCATTTCATCG 685
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530
686 AGCCAGTGGCGGCGAATAAACCCTGTGGACCATCAATATCAAGACGTG 735
530 lulylle.....LeuGlnTyrArgGluLeu 538
736 ATTGCTATCGAGCTTTGTTTCGTA..... 759

```

```
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555
760 ....ACAGCGCGTCTGAATACC.....GAGCGGTGGTGGCTTGG 796
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
555 oArgThrGlyArgHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
797 GCGGCTGCAAGTCAACAACCGCGCTC.....TTGCGTACC 834
      || ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
572 lyArgLeuSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
835 GTTTTGGTGGAGGTGCTCAACTTACCGCGCGCAA..... 873
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
589 ProLeuGlyClnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGlyTrpLe 605
874 .TTGGTTGACGGGCAACCGGTGATTTCGGTTCGGTATTCAACGGTG 922
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerClnIleGluLeuArgValLeu..... 619
923 CGATTCCACAAGCGCGCATGATTATTGGGACGTACCAATCAGATT 972
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
973 TCGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAGAGCTGTCGGTGGGT 1016
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 646
1017 TCGCGCGCAGCGC 1029
      |||||
646 tPheGlyValPro 650

seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/5A_COMB.pep.US-07-977-434-2
seq_documentation_block:
; Sequence 2, Application US/07977434
; Patent No. 5466591
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Gelfand, David H.
; APPLICANT: Abramson, Richard D.
; TITLE OF INVENTION: 5' TO 3' EXONUCLEASE MUTATIONS OF
; TITLE OF INVENTION: THERMOSTABLE DNA POLYMERASES
; NUMBER OF SEQUENCES: 38
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Hoffmann-La Roche Inc.
; STREET: 340 Kingsland Street
; CITY: Nutley
; STATE: New Jersey
; ZIP: 07110-1199
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: Macintosh
; OPERATING SYSTEM: 7
; SOFTWARE: WordPerfect 2.1
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/07/977,434
; FILING DATE:
; CLASSIFICATION: 435
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 590,490
; FILING DATE: 28-SEP-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 590,466
; FILING DATE: 28-SEP-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 590,213
; FILING DATE: 28-SEP-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 523,394
; FILING DATE: 15-MAY-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 143,441
; FILING DATE: 12-JAN-1988
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 063,509
```

```

; FILING DATE: 17-JUN-1987
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 899,241
; FILING DATE: 22-AUG-1986
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 746,121
; FILING DATE: 15-AUG-1991
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: WO PCT/US90/07641
; FILING DATE: 21-DEC-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 585,471
; FILING DATE: 20-SEP-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 455,611
; FILING DATE: 22-DEC-1989
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 609,157
; FILING DATE: 02-NOV-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 557,517
; FILING DATE: 24-JUL-1990
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Luann Cserr
; REGISTRATION NUMBER: 31,822
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: Case No. 5466591 8753
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (510) 814-2972
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 2:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 832 amino acids
; TYPE: amino acid
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
; US-07-977-434-2

alignment_scores:
      Quality: 97.00      Length: 371
      Ratio: 0.584      Gaps: 19
      Percent Similarity: 44.744      Percent Identity: 22.102

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-07-977-434-2

Align seg 1/1 to: US-07-977-434-2 from: 1 to: 832

1 ATGATTAATAATCAAAAAAGGTCTAAATCTGCCATCGCGGCAGACCGGA 50
      ::::: ::::: ||||| ::::: |||
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspAspProme 374
      ::::: |||
51 GCAAGTCATTATGACGGCGCGCCCATACCGAAGTCGCGTTCGTTGGCG 100
      ::::: |||
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381
101 AGAATATATCGGCATCGCCCTCGATGAAAAATCAAGGAAGTGAAGCC 150
      ||||| ||||| |||
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391
151 GTCAAAAAGGCCAAGTGTCTTTTGAAGACAAAAAATCCGGCGGTAGT 200
      ::::: |||
392 ArgArgTyrGlyGlyGluTrpThrGluGlu..... 401
201 ATTTACTGCGCGGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTACCGTGGCGAAA 250
      ::::: ||||| :::::
402 .....AlaGlyGluArgAlaLeu.....SerG 410
251 ACGCGGTACTTCAGTCAGTGTGATTGCGGTGAAGCAACGACGAAATC 300
      ::|||::: :::::
410 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 426
301 .....GAGTTCGAACGCTACGTGAGCGCTGGCGAAA 335
      ||| ||||| ::::: |||||
```

us-09-303-518d-131.ra1

Mon Jul 1 09:25:34 2002

[illegible]



```
336 ATTGACGAGGAAAAAGTGGCGGCAACCTGATTCATCAATCAGGCTTATGGA 385
      ::::: |||||
443 sMeGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457
      ::::: |||||
386 CTGCGCTTCGACCGCTCGTTCAGCAAAATCCCTGCTAGATCGCGAG 435
      ||||| ::::: |||||
457 rGAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluAlaArgLeuGluAlaGlu 473
      ||||| ::::: |||||
436 CGTTGCGCATCTGCTCAATCGATGAGCACCACCAATCCGCTGCTGCCGA 485
      ||| ::::: |||||
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490
      ::::: |||||
486 CCTACGGTTCATCAACAAGACCGCGGAGACTTCAACCGCGCTGT 535
      ||||| ::::: |||||
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501
      |||||
536 TGGTATTGAGCGCTGACGACGACCTAAATCCATGTGTGTAACGACGA 585
      ::::: |||||
501 roAlaileGlyLys...ThrGluLys..... 508
      ::::: |||||
586 GCGCAGACGTCGCTGCTGAAATGCTGCAATATCGCAACACATGAATT 635
      ::::: |||||
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522
      ::::: |||||
636 TGGCGCGCGCATCTGCTGCGGCTGAGTGGCAGCACATTCATTCATCG 685
      |||||
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530
      ::::: |||||
686 AGCCAGTCGCGCGCAATAAAACCGTGTGACCATCAATTATCAAGACGTG 735
      || ::::: |||||
530 LuLysile.....LeuGlnTyrArgGluLeu 538
      ::::: |||||
736 ATTGCTATCGGACGTTTCTTCGTA..... 759
      ::::: |||||
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555
      ::::: |||||
760 ...ACAGCGCTGTGATACCC.....GAGCGGCTGTTCCTGCTGG 796
      |||||
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
      ::::: |||||
797 CGGCGCTCAAGTCAACAACCGCGCTC.....TTGCGTACC 834
      |||||
572 lYArgLeuSerSerAspAspAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
      ::::: |||||
835 GTTTTGGTGGAGGTCTCACTTACCGCGCGGAA..... 873
      |||||
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgArgAlaPheIleAlaGluGlyTyrLe 605
      ::::: |||||
874 .TTGGTTGACCGGACACCGCGTGTTCGGTTCGGTATGTAACCGTG 922
      |||||
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
      ::::: |||||
923 CGATTGCACAGGCGCGCATGATTATTGGGACCTACCACTACGATT 972
      |||||
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
      ::::: |||||
973 TCCGTTATCAAGAGCGCGCAGC.....AAGAGCTGTTCGCTGGGT 1016
      |||||
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 646
      ::::: |||||
1017 TGGCGCGCAGCGC 1029
      ::::: |||||
646 tPheGlyValPro 650
```

seq\_name: /cgn2\_6/ptodata/1/1aa/5A\_COMB.pep:US-08-156-020-4

seq\_documentation\_block:

; Sequence 4, Application US/08156020

; Patent No. 5474920

; GENERAL INFORMATION:

; APPLICANT: Moses M.D., Robb E.

; TITLE OF INVENTION: Modified Thermo-Resistant DNA

; TITLE OF INVENTION: Polymerases

```
; NUMBER OF SEQUENCES: 15
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Allegratti & Witcoff
; STREET: 10 South Wacker Drive
; CITY: Chicago
; STATE: IL
; COUNTRY: USA
; ZIP: 60606
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: Apple Macintosh
; OPERATING SYSTEM: Macintosh
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/156,020
; FILING DATE:
; CLASSIFICATION: 435
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Greenfield Ph.D., Michael S.
; REGISTRATION NUMBER: 37,142
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 93,413
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (312)715-1000
; TELEFAX: (312)715-1234
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 4:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 832 amino acids
; TYPE: amino acid
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
; US-08-156-020-4
```

alignment\_scores:

Quality: 97.00 Length: 371

Ratio: 0.584 Gaps: 19

Percent Similarity: 44.744 Percent Identity: 22.102

alignment\_block:

US-09-303-518D-131 x US-08-156-020-4 ..

Align seg 1/1 to: US-08-156-020-4 from: 1 to: 832

```
1 ATGATTAATAAATAAAGTCTTAAATCTGCCATCGCGGCGACACCGGA 50
      ::::: |||||
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspProme 374
      ::::: |||||
51 GCAAGTCATTTATGACGCGCGCCCATACCGAAGTCGCGTTGCTTGGCG 100
      ::::: |||||
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381
      ::::: |||||
101 AAGAAATATCGGCATCGCCCTCGATGAAATCAAGGAAGTGAAGCC 150
      ::::: |||||
382 .....ProSerAsnThrThrProGlyValAla 391
      ::::: |||||
151 GTCAAAAAAGGCCAAGTGTCTTTGAAGACAAAAAAGAAATCCGCGGTAGT 200
      ::::: |||||
392 A-gArgTyrGlyGlyGluTrpThrGluGlu..... 401
      ::::: |||||
201 ATTACTGCGCGGCTTCAGGCAAAATCCCGCTATTACCGTGGCGAA 250
      ::::: |||||
402 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....Serg 410
      ::::: |||||
251 AGCGGTACTTTCAGTCAGTCGTGATTGCGTTGAAGCAACGACGAAATC 300
      ::::: |||||
410 LuArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 426
      ::::: |||||
301 .....GAGTTGACACGCTACCTGAGCGCTGGCAAA 335
      ::::: |||||
427 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443
      ::::: |||||
336 ATTGACGACGAAAGTGGCGCGCAACCTGATTCATCAGCTTATGGA 385
      ::::: |||||
```

443 smetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457  
386 CTGCGTTCGACCCCTCGCTGTCAGCAAAATCCCTGCTAGATGCCGAG 435  
||||| :  
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluAlaArgLeuGluAlaGlu 473  
436 CCCTGCGCCATCTTCGTCATGCGATGGACACCAATCCGCTGCTGCCG 485  
||| :  
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspLeu 490  
486 CCCTACGCTCATCATCAAGAAAGCCCGCAGACTTCAAAACGCGGCTGT 535  
||| :  
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501  
536 TGGTATTGACCGCGCTGACCGACGTAACGTAATCCATGTGTGTAAGCAG 585  
:  
501 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys..... 508  
586 GGGCAGACGCTGCGCTGCTGAAATGCTGCAATATCGAAACACATGAAT 635  
:  
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522  
636 TGGCGGCGCCGCTCTCCGCTGAGTGGCAGCAGATTCATTTCATCG 685  
:  
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530  
686 AGCAGTCGCGCGGCAATAAACCGTGTGGACCATCAATTATCAAGAGCTG 735  
|| :  
530 luLysIle.....LeuGlnTyrArgGluLeu 538  
736 ATTGCTATCGGACGTTGTTGCTGA..... 759  
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555  
760 ...ACAGCGCGCTGTAATACC.....GAGCGCGTGGTGGCTGG 796  
||||| :  
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572  
797 GCGGCTGCAAGTCAACAAACCGCGCTC.....TTGCGTACC 834  
|| :  
572 lyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588  
835 GTTTGGTGGCGAAGGTCTCTCAACTTACCGCGCGCGAA..... 873  
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGlyTrpLe 605  
874 .TTGGTTGACCGGACACACCGCTGATTCGCGTTCGTTGACCGGTG 922  
||||| :  
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619  
923 CGATTGCAACAGCGCGCATGATTATTGGGACGCTACCAATCAGATT 972  
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629  
973 TCCGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTGCGCTGGT 1016  
:  
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpme 646  
1017 TGGCGCGCAGCGG 1029  
646 tPheGlyValPro 650

ADDRESSEE: Allegretti & Witcoff  
STREET: 10 South Wacker Drive  
CITY: Chicago  
STATE: IL  
COUNTRY: USA  
ZIP: 60606  
COMPUTER READABLE FORM:  
MEDIUM TYPE: Floppy disk  
OPERATING SYSTEM: Macintosh  
SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25  
CURRENT APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: US/08/156,020  
FILING DATE:  
CLASSIFICATION: 435  
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
NAME: Greenfield Ph.D., Michael S.  
REGISTRATION NUMBER: 37,142  
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 93,413  
TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
TELEPHONE: (312)715-1000  
TELEFAX: (312)715-1234  
INFORMATION FOR SEQ. ID NO. 6:  
SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
LENGTH: 832 amino acids  
TYPE: amino acid  
TOPOLOGY: linear  
MOLECULE TYPE: protein  
US-08-156-020-6

alignment\_scores:  
Quality: 97.00 Length: 371  
Ratio: 0.584 Gaps: 19  
Percent Similarity: 44.744 Percent Identity: 22.102

alignment\_block:  
US-09-303-518d-131 x US-08-156-020-6 ..

Align seg 1/1 to: US-08-156-020-6 from: 1 to: 832  
1 ATGATTAAATCAAAAAGGTCTAAATCTGCCATCGCGGCGAGACCGGA 50  
:  
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuProGlyAspProme 374  
51 GCAAGTCATTATTATGACGCGCGCCATTACCGAGTCGCGTGTGGCG 100  
:  
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381  
101 AGAATATGTCGCATCGCCCTCGATGATAAATCAAGGAAGTGAAGCC 150  
:  
382 .....ProSerAsnThrThrProGlyValAla 391  
151 GTCAAAAAGGCCAAGTCTGTTTGAAGACAAAAAGAAATCCGGCGTAGT 200  
:  
392 ArgArgTyrGlyGlyLeuTrpThrGlu..... 401  
201 ATTACTGCGCGGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTACCGTGGCGAAA 250  
:  
402 .....AlaGlyLeuArgAlaLeu.....SerG 410  
251 AGCGCGTACTTCAGTCAGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTC 300  
:  
410 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 426  
301 .....GAGTTCGAACGCTACGTACCTGAAGCGCTGGCAAA 335  
:  
427 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaH 443  
336 ATTGAGCAGCGAAAAAGTGGCGCGCAACCTGATTCAATCAGGCTTATGA 385  
:  
443 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457

seq\_name: /cgn2\_6/prodata/1/iaa/5A\_COMB pep:US-08-156-020-6  
seq\_documentation\_block:  
; Sequence 6, Application US/08156020  
; Patent No. 5474920  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Moses M.D., Robb E.  
; TITLE OF INVENTION: Modified Thermo-Resistant DNA  
; TITLE OF INVENTION: Polymerases  
; NUMBER OF SEQUENCES: 15  
; CORRESPONDENCE ADDRESS:

```
386 CTGCGCTTCGACCCGTCGCTTCAGCAAAATCCCTGCGCTAGATGCCGAG 435
|||||
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluLutleAlaArgLeuGluAlaGlu 473
|||
436 CCCTTCGCCATCTTCGTCATGATGAGTGGACACCAATCCGCTGGCTGCCGA 485
|||
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490
|||||
486 CCCTACGTCATCATCAAGAACCGCGGAGACTTCACACGGCGGCTGT 535
|||||
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501
|||||
536 TGGTATTGACCGCGTACGACGACGAGTAATCCATCATGTGTAAAGCAGCA 585
|||||
501 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys..... 508
586 GCGCGACAGCTGCGCTGCTGAATATGCGCAATATCAATATCAACACATGAAT 535
|||||
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522
|||||
636 TGGCGCGCGCATCTCGCGGCTTGAGTGGCAGCACATTCATTCATCG 685
|||||
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530
|||||
686 AGCCAGCTCGCGGAGTAATACCGTGTGGACCATCAATATCAAGACGTG 735
|||||
530 LuLysIle.....LeuGlnTyrArgGluLeu 538
|||||
736 ATTGCTATCGGAGCTTTGTTGCTGA..... 759
|||||
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555
|||||
760 ....ACAGCGCTGCTCAATACC.....GAGCGCGTGGTGGCTTGG 796
|||||
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
|||||
797 GGGCGCTGCAAGTCAACAAACCGCGCTC.....TTGGGTACC 834
|||||
572 LyArgLeuSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
|||||
835 GTTTGGGTGCGAAGTGCTCAACTTACCGCGCGCGAA..... 873
|||||
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGluGlyTriple 605
|||||
874 .TTGTTGACGCGGACACCGCGCTGATTCGGTTCGGTATTGAACGGTG 922
|||||
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
|||||
923 CGATTTCACAGGCGCGCATGATTATTGGGACGCTACCAATCAGATT 972
|||||
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeulle 629
|||||
973 TCCGTTATCGAAGAGCGCGAGC.....AAAGAGCTGTTGCGCTGGGT 1016
|||||
630 ArgValPheGlnGluArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTyrPme 646
|||||
1017 TCGCGCGCGAGCGG 1029
|||||
646 tPheGlyValPro 650
```

seq\_name: /cgn2\_6/ptodata/1/iaa/5A\_COMB.pep:US-08-156-020-8

```
seq_documentation_block:
; Sequence 8, Application US/08156020
; Patent No. 5474920
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Moses M.D., Robb E.
; TITLE OF INVENTION: Modified Thermo-Resistant DNA
; NUMBER OF INVENTION: Polymerases
; NUMBER OF SEQUENCES: 15
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Allegretti & Witcoff
; STREET: 10 South Wacker Drive
```

```
; CITY: Chicago
; STATE: IL
; COUNTRY: USA
; ZIP: 60606
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: Apple Macintosh
; OPERATING SYSTEM: Macintosh
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/156,020
; FILING DATE:
; CLASSIFICATION: 435
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Greenfield Ph.D., Michael S.
; REGISTRATION NUMBER: 37,142
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 93,413
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (312)715-1000
; TELEFAX: (312)715-1234
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 8:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 832 amino acids
; TYPE: amino acid
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
; US-08-156-020-8
```

```
alignment_scores:
Quality: 97.00 Length: 371
Ratio: 0.584 Gaps: 19
Percent Similarity: 44.744 Percent Identity: 22.102

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-08-156-020-8 ..
Align seg 1/1 to: US-08-156-020-8 from: 1 to: 832
```

```
1 ATGATTAAATCAAAAAGGTCTAAATCTGCCATCGCGGCGACACCGGA 50
|||||
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspProme 374
|||||
51 GCAAGTCATTATGACGCGCGGCCATTACCGAAGTCGCGTGTGGCG 100
|||||
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381
|||||
101 AAGAAATATGCGGCATCGCCCTCGATGAAATCAAGAAAGTGAAGCC 150
|||||
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391
|||||
151 GTCAAAAAGGCCAAGTGTGTTTGAAGCAAAAGAAAGTCCGGCGTAGT 200
|||||
392 ArgArgTyrGlyGlyGluThrThrGluGlu..... 401
|||||
201 ATTTACTGCGCGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTTCACCTGGCGAAA 250
|||||
402 .....AlaGlyGluArgAlaLeu.....SerG 410
|||||
251 AGCGCGTACTTCAGTCAGTCGTGTTGCCGTTGAAGCAACGACGAAATC 300
|||||
410 IuArgLeuPheAlaAsnLeuThrGlyArgLeuGlyGlyGluGluArgLeu 426
|||||
301 .....GAGTGTGAACGCTACGTACCTGAAGCGCTGCACA 335
|||||
427 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443
|||||
336 ATTGACACGCGAAAAGTGGCGCGCAACCTGATTCAATCAGCGCTATGGA 385
|||||
443 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457
|||||
386 CTGCGCTTCGCGCGCTTCAGCAAAATCCCTGCGCTAGATGCCGAG 435
|||||
```

```
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluLeuAlaArgLeuGluAlaGlu 473
436 CCCTGCGCCATCTTCGTCATGCGATGCGATGAGACCAATCCGCTGGCTCCGA 485
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490
486 CCCTACGCTCATCATCAAGAACCCCGGAGACATTCACACGGCGCTGT 535
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu 501
536 TGGTATTGACCGCTGACCGAACGTAATAATCCATGCTGTGTAAGCAGCA 585
501 roAlaLeuGlyLys...ThrGluLys 508
586 GGGCAGACGTCGCTGTAATGCTGCAATATCGAACACATGAATT 635
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla...Le 522
636 TGGCGGCCCGCATCTCCGCTTGAGTGGCAGCCACATTCATTTCATCG 685
522 uArgGluAlaHisPro...LeuValG 530
686 AGCCAGTCGCGCGAATAAACCCTGTGGACCATCAATATCAAGACGCTG 735
530 lylsile...LeuGlnTyrArgGluLeu 538
736 ATTCTATCGGACGTTGTCGTA 759
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuLeHisPr 555
760 ...ACAGCGCTGTAATACC...GAGCGGTGTTGCTGCTGG 796
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
797 GCGGCTGCAAGTCAACAAACCGCGCTC...TTCCGTACC 834
572 lylArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
835 GTTTGGTGGGAGAGGTCTCACTTACCGCGCGAA... 873
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgArgAlaPheIleAlaGluGlyTyrLe 605
874 TTGGTTGACGCGGACACCGCTGATTTCGGTTCGGTATGTAACGGTG 922
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu... 619
923 CGATTGCACAGGCGCGCATATTATTTGGACGCTACCAACATCAGATT 972
620 ...AlaHis...LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
973 TCCGTTATCGAAGAGCGCGAGC...AAAGAGCTGTTTCGGCTGGGT 1016
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 646
1017 TCGCGCGCAGCGG 1029
646 tPheGlyValPro 650

seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/5A_COMB.pep:US-08-156-020-10

seq_documentation_block:
; Sequence 10, Application US/08156020
; Patent No. 5474920
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Moses M.D., Robb E.
; TITLE OF INVENTION: Modified Thermo-Resistant DNA
; TITLE OF INVENTION: Polymerses
; NUMBER OF SEQUENCES: 15
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESS: Allegretti & Witcoff
; STREET: 10 South Wacker Drive
; CITY: Chicago
; STATE: IL
```

```
436 CCGTTCGCCATCTTCGTCATCGATGGACACCAATCCGCTGCTGCCGA 485
    ||| : : : : : |||
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490
    ||| : : : : : |||
486 CCCTACGGTCATCATCAAGACCCGCCGAAGACTTCAACACGGGGCTGT 535
    ||| : : : : : |||
490 uGluArgValLeuPheAspGlnLeu.....GlyLeuP 501
    ||| : : : : : |||
536 TGGTATTGAGCCGCTGACCGAAGCTGTAATATCCATGTGTAAAGCAGCA 585
    ||| : : : : : |||
501 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys..... 508
    ||| : : : : : |||
586 GCGCAGACGTCGCTCTGCAATATGCTGCAATATGCAACACATCAATT 635
    ||| : : : : : |||
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaValLeuGluAla.....Le 522
    ||| : : : : : |||
636 TGGCGCCCGCATCTCTCGCGGCTTGAGTGGCAGCACATTCATTCATCG 685
    ||| : : : : : |||
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530
    ||| : : : : : |||
686 AGCAGTCGCGCGGAATAAACCGTGTGGACCATCAATATCAAGACGTG 735
    ||| : : : : : |||
530 LuLysIle.....LeuGlnTyrArgGluLeu 538
    ||| : : : : : |||
736 ATTGCTATCGGACGTTTGTTCGTA..... 759
    ||| : : : : : |||
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555
    ||| : : : : : |||
760 ....ACAGCCGCTCGAATACC.....GAGCGCTGTTGCTTGG 796
    ||| : : : : : |||
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
    ||| : : : : : |||
797 GCGGCTGCAAGTCAACAAACCGCGCTC.....TTGCGTACC 834
    ||| : : : : : |||
572 lyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
    ||| : : : : : |||
835 GTTTTGGTGGCAGGCTGTCTCACTTACCGCGCGGAA..... 873
    ||| : : : : : |||
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgArgAlaPheIleAlaGluGluGlyTrpLe 605
    ||| : : : : : |||
874 ..TTGTTGACGCGGACAAACCGCTGATTTCGGTTCGGTATTGAACGGTG 922
    ||| : : : : : |||
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
    ||| : : : : : |||
923 CGATTGCACAGCGCGCATGATTATTGGACGCTACCAATCAGATT 972
    ||| : : : : : |||
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
    ||| : : : : : |||
973 TCCGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTGCGCTGGGT 1016
    ||| : : : : : |||
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 646
    ||| : : : : : |||
1017 TGGCGCGCAGCGG 1029
    ||| : : : : : |||
646 tPheGlyValPro 650
```

seq\_name: /cgn2\_6/ptodata/1/1aa/5A\_COMB.pep:us-08-073-384C-4

seq\_documentation\_block:

Sequence 4, Application US/08073384C

Patent No. 5541311

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: Dahlberg, James E.

APPLICANT: Lyamichiev, Victor I.

APPLICANT: Brow, Mary Ann D.

TITLE OF INVENTION: SYNTHESIS-DEFICIENT THERMOSTABLE DNA

NUMBER OF SEQUENCES: 29

CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESSEE: HAVERSTOCK, MEDLEN & CARROLL

STREET: 220 Montgomery Street, Suite 2200

CITY: San Francisco

STATE: California

```

;
; COUNTRY: United States of America
; ZIP: 94104
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/073,384C
; FILING DATE: 04-JUN-1993
; CLASSIFICATION: 536
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 07/986,330
; FILING DATE: 07-DEC-1992
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Carroll, Peter G.
; REGISTRATION NUMBER: 32,837
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: FORS-00613
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: 415/705-8410
; TELEFAX: 415/397-8338
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 4:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 832 amino acids
; TYPE: amino acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
; US-08-073-384C-4

```

alignment\_scores:

Quality: 97.00 Length: 371  
Ratio: 0.584 Gaps: 19  
Percent Similarity: 44.744 Percent Identity: 22.102

alignment\_block:

US-09-303-518D-131 x US-08-073-384C-4

Align seg 1/1 to: US-08-073-384C-4 from: 1 to: 832

```
1 ATGATTAATAAATAAAGGTCTAAATCTGCCCATCGCGGACAGACCGGA 50
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspAspProme 374
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
51 GCAAGTCATTATACGCGCCGCCCATTCACCGAAGTCGCGTTCGTTGGG 100
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
101 AGAATATATGTCGCATCGCCCTCGATGAAATCAAGGAAGTGAAGCC 150
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
151 GTCAAAAAGGCCAAGTGTGTTTGAAGACAAAAAGAAATCCGGCGTAGT 200
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
392 ArgArgTyrGlyGlyGluTrpThrGluGlu..... 401
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
201 ATTTACTGCGCGCTTCAGGCNAATCCCGCTATTACCGTGGCGAAA 250
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
402 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....SerG 410
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
251 AGCGCTACTTCAGTCAGTCGTTGCGGTTGAAGGCAACGACCAATC 300
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
410 LuArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluGluArg 426
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
301 .....GAGTTCGACGCTACGTACCTGAAGCGCTGGCAAA 335
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
427 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
336 ATTGACGACGAAAAAGTCCGCGCGCAACCTGATTCAATCAGGCTTATGA 385
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
443 smetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

```

386 CTGCGTTCGCCACCGCTCGTTCAGCAAAATCCCTGCCGTAGATCCGAG 435
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluAlaArgLeuGluAlaGlu 473
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
436 CCGTTCGCATCTTCGTCAATCGATGGACACCAATCCGCTGGTCCGA 485
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgPheGlnLe 490
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
486 CCCTAGCGTCATCATCAAGAAGCCGCCGAGACTTCAACCGCGCTGT 535
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
536 TGTATTGACCGCCCTGACGACGACGACGACGACGACGACGACGACG 585
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
501 roAlaIleGlyLys...ThruLys..... 508
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
586 GGGCGACAGCTGCGCTGAAATGCTGCAATATCGAAACACATGAAT 635
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
636 TGCGCGCCGCGCATCTCGCGCTGTGAGTGGCAGCAGACATTCATTCATCG 685
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
686 AGCAGTCGCGCGCAATAAACCGTGTGACCATCAATATCAAGACGTG 735
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
530 lulsile.....LeuGlnTyArgGluLeu 538
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
736 ATTGCTATCGGAGCTTGTTCGTA..... 759
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
539 ThrLysLeuLysSerThrTyIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
760 ....ACAGCGCTGTAATACC.....GAGCGGTGTGCTGCTGG 796
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
797 GCGCGCTGCAAGTCAACAAACCGCGCTC.....TTGCGTACC 834
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
572 lYArgLeuSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
835 GTTTGGTGGCGAAGGTCTCAACTTACCGCGCGGCA..... 873
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGlyTrpLe 605
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
874 .TTGTTTACCGCGACACCGCGTTCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 922
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
605 uLeuValAlaLeuAspTyrrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
923 CGATTGCACAGCGCGCATGATTATTGGACCGCTACCAATCATGATT 972
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
973 TCGGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTCGCTGGT 1016
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 646
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1017 TGCGCGCGCAGCGC 1029
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
646 tPheGlyValPro 650
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/5A_COMB.pep:US-08-254-359A-4
seq_documentation_block:
: Sequence 4, Application US/08254359A
: Patent No. 5614402
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT: DAHLBERG, JAMES E.
: APPLICANT: LYAMICHEV, VICTOR I.
: APPLICANT: BROW, MARY ANN D.
: TITLE OF INVENTION: 5' NUCLEASES DERIVED FROM THERMOSTABLE
: TITLE OF INVENTION: DNA POLYMERASE
: NUMBER OF SEQUENCES: 40
: CORRESPONDENCE ADDRESS:

```

```

ADDRESSEE: HAVERSTOCK, MEDLEN & CARROLL
STREET: 220 MONTGOMERY STREET, SUITE 2200
CITY: SAN FRANCISCO
STATE: CALIFORNIA
COUNTRY: UNITED STATES OF AMERICA
ZIP: 94104
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/254,359A
FILING DATE:
CLASSIFICATION: 435
PRIORITY APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US 08/073,384
FILING DATE: 06-JUN-1993
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US 07/986,330
FILING DATE: 07-DEC-1992
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: CARROLL, PETER G.
REGISTRATION NUMBER: 32,837
REFERENCE/DOCKET NUMBER: FORS-01000
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: (415) 705-8410]
TELEFAX: (415) 397-8338
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 4:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 832 amino acids
TYPE: amino acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: protein
US-08-254-359A-4

```

```

alignment_scores:
Quality: 97.00 Length: 371
Ratio: 0.584 Gaps: 19
Percent Similarity: 44.744 Percent Identity: 22.102

alignment_block:
US-09-303-518d-131 x US-08-254-359A-4 ..
Align seg 1/1 to: US-08-254-359A-4 from: 1 to: 832

1 ATCATTAATAATCAAAAAGTCTAAATCTGCCATCGCGGCGAGACCGGA 50
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyArgPheAspProme 374
51 GCAAGTCATTATTAGACGGCGCCGACCATACCGAAGTCGCGTGTGGCG 100
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
374 tLeuLeuAlaTy.....LeuLeuAsp. 381
101 AGAATATATCGCATCGCCCTCGATGAAATCAAGGAAGGTGAAGCC 150
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
382 .....ProSerAsnThrThrProGlyGlyValAla 391
151 GTCAAAAAGGCCAAGTGTGTTTGAAGACAAAAAGAAATCCGGCGGTAGT 200
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
392 ArgArgTyGlyGlyGluTrpThrGluGlu..... 401
201 ATTACTGCGCGGCTTCAGGCAAAATCCCGCTATTACCGTGGCGAAA 250
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
402 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....SerG 410
251 AGCGCGTACTTCAGTCAGTCGTCATTGCGCTTCAAGGCAACGACGAAATC 300
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
410 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGlyGluArgLeu 426
301 .....GAGTTCGAACGCTACGTACCTGAAGCGCTGGCAAA 335

```

```
427 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443
||||| ||||| ||||| |||||
336 ATTGAGCAGCAAAAGATGGCGCGCAACCTGATTCATCAGGCTTATGGA 385
||||| ||||| ||||| |||||
443 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457
||||| ||||| ||||| |||||
386 CTGCGTTCGACCGCTCGCTTCAGCAAAATCCCTGCGTAGATGCGGAG 435
||||| ||||| ||||| |||||
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluLufleAlaArgLeuGluAlaGlu 473
||||| ||||| ||||| |||||
436 CCCTTCGCGCATCTCTCATCGATGCGATGGACACCAATCCCGCTGCCGA 485
||||| ||||| ||||| |||||
474 valPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490
||||| ||||| ||||| |||||
486 CCTACGGTCATCATCAAGAGCGCGCGCAAGACTTCAACACGCGCTGT 535
||||| ||||| ||||| |||||
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501
||||| ||||| ||||| |||||
536 TGGTATTGAGCGCGCTGACGACGCAACGTAATCCATGTGTAAAGCAGCA 585
||||| ||||| ||||| |||||
501 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys..... 508
||||| ||||| ||||| |||||
586 GCGCAGACGTCGCGCTCAAAATGCTGCCAATATCGAAACACATCAATT 635
||||| ||||| ||||| |||||
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522
||||| ||||| ||||| |||||
636 TGGCGCGCGCATCTCTGCGCGCTTGTGAGTGGCAGCAGCATTCATTCG 685
||||| ||||| ||||| |||||
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530
||||| ||||| ||||| |||||
686 ACCCAGTGGCGCGCAATAAACCGTGTGACCATCAATATCAAGACGTG 735
||||| ||||| ||||| |||||
530 LuLysIle.....LeuGlnTyrArgGluLeu 538
||||| ||||| ||||| |||||
736 ATTGCTATCGGACGCTTGTTCGTA..... 759
||||| ||||| ||||| |||||
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555
||||| ||||| ||||| |||||
760 ....ACAGCGCTCGAATACC.....GAGCGCTGTGCTGCTGG 796
||||| ||||| ||||| |||||
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
||||| ||||| ||||| |||||
797 GCGGCTGCTCAAGTCAACAAACCGCGCTC.....TTCGCTACC 834
||||| ||||| ||||| |||||
572 LyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
||||| ||||| ||||| |||||
835 GTTTGGTGCAGAGGTGTCTCAACTTACCGCGCGCA..... 873
||||| ||||| ||||| |||||
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGluGlyTrpLe 605
||||| ||||| ||||| |||||
874 .TTGTTTACCGCGCAGCAACCGCGTGTTCGGTTCGGTATTGAACGGTG 922
||||| ||||| ||||| |||||
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
||||| ||||| ||||| |||||
923 CGATTGCACAGCGCGCTGATTTATTTGGACGCTACCAATCAGATT 972
||||| ||||| ||||| |||||
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
||||| ||||| ||||| |||||
973 TCCGTTATCGAAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTCGCGCTGGT 1016
||||| ||||| ||||| |||||
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 646
||||| ||||| ||||| |||||
1017 TGC CGCGCAGCGC 1029
||||| ||||| ||||| |||||
646 tPheGlyValPro 650

alignment_scores:
Quality: 97.00 Length: 371
Ratio: 0.584 Gaps: 19
Percent Similarity: 44.744 Percent Identity: 22.102

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-08-483-043-4
Align seg 1/1 to: US-08-483-043-4 from: 1 to: 832

1 ATGATTAAATCAAAAAGTCTAAATCTGCCATCGCGCGCAGACCGGA 50
||||| ||||| ||||| |||||
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuProGlyAspProme 374
||||| ||||| ||||| |||||
51 GCAAGTCATTATGAGCGCGCGCATTTACCGAAGTCGGTTCGTTGGG 100
||||| ||||| ||||| |||||
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381
||||| ||||| ||||| |||||
101 AAGAATATCTCGGCATCGCGCGCTCGATGAAATCAAGGAAGTGAAGCC 150
||||| ||||| ||||| |||||
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391
||||| ||||| ||||| |||||
151 GTCAAAAAGCGCAAGTCTGTTTGAAGACAAAAGAAATCCGCGCGTAGT 200
||||| ||||| ||||| |||||
392 ArgArgTyrGlyGlyGluThrThrGluGlu..... 401
||||| ||||| ||||| |||||
201 ATTACTGCGCGGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTTCACCGTGCAGAA 250
||||| ||||| ||||| |||||
402 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....Serg 410
||||| ||||| ||||| |||||

seq_name: /cqn2_6/ptodata/1/1aa/5A_COMB.pep:US-08-483-043-4
seq_documentation_block:
; Sequence 4, Application US/08483043
; Patent No. 5691142
; GENERAL INFORMATION:
```





```

alignment_scores:
  Quality: 97.00      Length: 371
  Ratio: 0.584      Gaps: 19
  Percent Similarity: 44.744      Percent Identity: 22.102

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-08-458-819-2  ..

Align seg 1/1 to: US-08-458-819-2 from: 1 to: 832

1  ATGATTAAATCAAAAAGGCTCTAAATCTGCCATCGCGGCGAGACCGGA 50
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
358  ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspProme 374
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
51  GCAAGTCATTATGACGGCCCGGCCATTACCGAAGTCGGTTCCTGGCG 100
   :::  |||  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
374  tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp..381

101  AAGAATTATGTGCGCATGCGCCCTCGATCAAAATCAAGAAAGTGAAGCC 150
   :::::  :::::  |||||  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
382  .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
151  GTCAAAAAGGCCAAGTCTGTTTGAAGCAAAAAAATCCGGCGGTAGT 200
   :::  |||  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
392  ArgArgTyrGlyGlyGluTrpThrGluGlu..... 401

201  ATTTACTGCGCGGCTTCAGGCAGAAATCGCCGCTATTCCGTCGCGGAA 250
   :::::  :::::  :::::  :::::  |||||  :::::  :::::  |||
402  .....AlaGlyGluAlaAlaLeu.....SerG 410
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
251  AGCGCGTACTTCAGTCAGTCGTGATTGCGGTGAAGCAAGCACGAAATC 300
   ::|||:::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
410  luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluGluArgLeu 426
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
301  .....GAGTTCGAACGCTAGTACCTGAAGCGCTGGCAA 335
   |||  |||||  :::::  :::::  :::::  :::::  |||||
427  LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
336  ATTGAGCAGCGAAAAAGTGGCGCGCAACCTGATTCAATCAGCGCTATGGA 385
   :::::  :::::  |||||  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
443  sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
386  CTGCGCTTCGCACCGCTCGGTTCAGCAAAATCCCTGCGTAGATGCCGAG 435
   |||||  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
457  rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluIleAlaArgLeuGluAlaGlu 473
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
436  CGGTTGCGCATCTTCGTAATGGGATGGACACCAATCCGCTGGCTGCCGA 485
   |||  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
474  ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490
   :::::  :::::  |||  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
486  CCCTACGGTCAATCAAGAAAGCGCGCGAAGACTTCACACGCGCCTGT 535
   |||||  :::::  |||  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
490  uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeup 501
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
536  TGGTATTACGGCGCTGACCGAAGCGTAAATCCATGTGTAAAGACGACA 585
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
501  roAlaIleGlyLys...ThrGluLys..... 508
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
586  GCGCAGACAGTCCGCTCTGAAATATGCTGCCAATATCAAAACACATGAAT 635
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
509  ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  |||
636  TGGCGGCCGCATCCTGCCGCGTTGATGGCAGCACCATTCATTTCATCG 685
   :  |||||  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  |||

```



```

; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 07/986,330
; FILING DATE: 07-DEC-1992
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Ingolia, Diane E.
; REGISTRATION NUMBER: 40,027
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: FORS-01800
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (415) 705-8410
; TELEFAX: (415) 397-8338
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 4:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 832 amino acids
; TYPE: amino acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
; US-08-471-066B-4

alignment_scores
  Quality: 97.00      Length: 371
  Ratio: 0.584       Gaps: 19
  Percent Similarity: 44.744  Percent Identity: 22.102

alignment_block
US-09-303-518D-131 x US-08-471-066B-4
Align seg 1/1 to: US-08-471-066B-4 from: 1 to: 832

1 ATGATTAAATCAAAAAGTCTAATCGCCATCGCGGCGAGACCGA 50
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspProme 374
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
51 GCAACTCATTTATGACGGCCGCCATTACCGAGTGGCTTGGCG 100
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381

101 AGAATATGTCGGCATGCCCTCGATGAAATCAAGGAAGGTGAAGCC 150
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391

151 GTCAAAAAGGCCAAGTGTCTTCAAGACACAAAAGATCCGGCGTAGT 200
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
392 ArgArgTyrGlyGlyGlyThrThrGluGlu..... 401

201 ATTACTGCGCGGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTACCGTGGCGAAA 250
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
402 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....Serg 410

251 AGCGGTACTTCAGTCAGTCGTGATGCGGTGAAGCAACGACGAATC 300
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
410 LuArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 426

301 .....GAGTTCGAACGCTACCTGAGCGCTGGCAAA 335
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
427 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443

336 ATTGAGCAGCAAAAAGTGGCCGCCAAGCTGATTCAATCAGGCTTATGA 385
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
443 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457

386 CTGGCTTCGACCGCCGCTTCAGCAAAATCCCTGCGGTAGATGCCGAG 435
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
457 rGlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluLeuAlaArgLeuGluAlaGlu 473

436 CCGTTCGCCATCTTCGTCAATGCGATGACACCAATCCGCTGGCTGCCGA 485
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490

486 CCCTACGGTATCATCAAGACCGCGGAGAGCTTCAAAACGGCGCTGT 535
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501
```

```

536 TGGTATTGAGCGCGCTGACGCAACGATAAAATCCATGTGTGTAAACGACGA 585
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
501 roAlaileGlyLys...ThrGluLys..... 508

586 GCGCAGAGCGTCCGCTCTGAAAATGCTGCCAATATCGAAACACATGAATT 635
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522

636 TGGCGCGCCGCTGCTGCGCGCTTGGTGGCGACGACATTCATTTCATCGC 685
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
522 uArgGluAlaHisPro.....lleValG 530

686 AGCAGTGGCGCGAATAAAACCGTGTGGACCATCAATATCAAGACGTG 735
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
530 luLysile.....LeuGlnTyrArgGluLeu 538

736 ATTGCTATCGGACGTTTGTTCGTA..... 759

539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555

760 ....ACAGCGCGTCTGAATACC.....GAGCGGTGTTGCCCTGG 796
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572

797 GCGCGCTCCAAAGTCAACAAACCGCGCTC.....TTGCGTACC 834
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
572 lyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588

835 GTTTTGGTGGCAAGTGTCTCAACTTACCGCGCGCGAA..... 873
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGlyTrpLe 605

874 .TTGGTTGACGGGACAAACCGGTGATTCGGTTCGGTATTCGAACGGTG 922
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSergGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619

923 CGATTGCACAAGCGCGCATGATTATTGGGACGCTACCAACATCAGATT 972
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
620 .....AlaHis.....LeuSergLysAspGluAsnLeuIle 629

973 TCGCTTATCAAGAAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTCGGCTGGT 1016
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 646

1017 TGGCGCGCACGCCG 1029
   :::::
646 tPheGlyValPro 650

seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/5B_COMB.pep:US-08-484-956-4
seq_documentation_block:
; Sequence 4, Application US/08484956
; Patent No. 5843654
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: DAHLBERG, JAMES E.
; APPLICANT: LYAMICHEV, VICTOR I.
; APPLICANT: BROW, MARY ANN D.
; APPLICANT: OLDENBURG, MARY C.
; APPLICANT: HEISLER, LAURA
; TITLE OF INVENTION: DETECTION OF p53 MUTATIONS
; NUMBER OF SEQUENCES: 114
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: HAVERSTOCK, MEDLEN & CARROLL
; STREET: 220 MONTGOMERY STREET, SUITE 2200
; CITY: SAN FRANCISCO
; STATE: CALIFORNIA
; COUNTRY: UNITED STATES OF AMERICA
; ZIP: 94104
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
```

```

alignment_scores:
  Quality: 97.00      Length: 371
  Ratio: 0.584      Gaps: 19
  Percent Similarity: 44.744      Percent Identity: 22.102

alignment_block:
  US-09-303-518D-131 x US-08-484-956-4      ..

Align seg 1/1 to: US-08-484-956-4 from: 1 to: 832

1  ATGATTAATAATCAAAAAGGCTCTAAATCTGCCATCGCGGGCAGACCGGA 50
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspProme 374
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

51  GCAAGTCATTTATGACGGCGCGCCATTACCGAAGTCGCGTTGCTTGCGG 100
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381

101 AAGAATATGTGCGCATCGCCCTCGATGAAATCAAGGAAGTGAAGCC 150
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391

151 GTCAAAAAAGGCCAAGTGCCTTTTGACAGACAAAAGATCCGGCGCTACT 200
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
392 ArgArgTyrGlyGlyGluTprThrGluGlu.....LeuLeu..... 401

201 ATTACTCGCGCGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTCACCGTGGCGAA 250
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
402 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....SerG 410

251 AGCGCGTACTTCAGTCAAGTCGTGATTGCCCTTGAAGGCAACGACGAATC 300
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
410 IuArgLeuPheAlaAsnLeuTrpClyArgLeuGluGlyGluIuArgLeu 426

301 .....GAGTTTCGAACGTACGTACCTGAAGCGCTGGCGAA 335
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```



```

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-08-599-491-4  ..
Align seg 1/1 to: US-08-599-491-4 from: 1 to: 832

1  ATGATTAAATCAAAAAGGTCTAAATCTGCCATCGCGGGCGACAGCGGA  50
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
358  ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuProGlyAspProMet  374
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
51  GCAAGTCATTATGACGGCGCGGCCATTACCGAAGTCGGTTGCTTGGCG  100
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
374  tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp.  381

101  AAGAATATGTCGGCATCGCGCCCTCGATGAAATCAAGGAAGGTGAAGCC  150
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
382  .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla  391

151  GTCAAAAAAGCGCAAGTCGTGTTTGAAGACAAAAGAATCCGGCGGTAGT  200
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
392  ArgArgTyrGlyGlyGluIutpThrGluGlu.....  401

201  ATTTACTCGCGCGCTTCAGGCAAAATCGCGCGTATTACCGCTGGCGAA  250
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
402  .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....SerG  410

251  AGCGCGTACTTCAGTCAGTCGGTATTCCGCTTGAAGGCAACGACGAATTC  300
   :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::

```

Sequence 4, Application US/08756386  
Patent No. 5985557  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: Prudent, James R.  
APPLICANT: Hall, Jeff G.  
APPLICANT: Lyamichiev, Victor I.  
TITLE OF INVENTION: Invasive Cleavage Of Nucleic Acids  
NUMBER OF SEQUENCES: 69  
CORRESPONDENCE ADDRESS:  
ADDRESSEE: Medlen & Carroll, LLP  
STREET: 220 Montgomery Street, Suite 2200  
CITY: San Francisco  
STATE: California  
COUNTRY: United States Of America  
ZIP: 94104  
COMPUTER READABLE FORM:  
MEDIUM TYPE: Floppy disk  
COMPUTER: IBM PC compatible  
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30  
CURRENT APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: US/08756,386  
FILING DATE:  
CLASSIFICATION: 435  
PRIOR APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: US 08/682,853  
FILING DATE: 12-JUL-1996  
PRIOR APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: US 08/599,491  
FILING DATE: 24-JAN-1996  
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
NAME: Ingolia, Diane E.  
REGISTRATION NUMBER: 40,027  
REFERENCE/DOCKET NUMBER: FORS-02564  
TELEPHONE: (415) 705-8410  
TELEFAX: (415) 397-8338  
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 4:  
SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
LENGTH: 832 amino acids  
TYPE: amino acid  
STRANDEDNESS: single  
TOPOLOGY: linear  
MOLECULE TYPE: protein  
US-08-756-386-4

alignment\_scores:  
Quality: 97.00 Length: 371  
Ratio: 0.584 Gaps: 19  
Percent Similarity: 44.744 Percent Identity: 22.102  
alignment\_block:  
US-09-303-518D-131 x US-08-756-386-4  
Align seg 1/1 to: US-08-756-386-4 from: 1 to: 832  
1 ATGATAAATCAAAAGTCTAAATCTGCCATCCGGCGGACCGGA 50  
358 ValLeuAlaLeuArgGluGluGluLeuProGlyLeuProGlyAspProme 374  
51 GCAAGTCATTATGACGGCCGGCCATTACCGAAGTCGGCTTGGCG 100  
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381  
101 AAGAAATATCGCGATCGCCCTCGATGAAATCAAGGAAGTGAAGCC 150  
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391  
151 GTCAAAAAGGCCAAGTGTGTTTGAAGCAAAAAGAACCTCGGCGTAGT 200  
392 ArgArgTyrGlyGluThrThrGluGlu..... 401

201 ATTTACTGCGCGGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTACCGTGGCGAAA 250  
402 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....SerG 410  
251 AGCGGTACTTTCAGTCAGTCGTGATTGCCGTGAAGCAAGCAAGCAATC 300  
410 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGluGluArgLeu 426  
301 .....GAGTTCGAACGCTACGTACCTGAAGCGTGGCGAAA 335  
427 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443  
336 ATTGAGCAGCGAAAAGTGGCGCCCAACCTGATTCAATCAGGCTTATGGA 385  
443 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457  
386 CTGCGCTTCGACCCGCTTCAGCAAAATCCCTGCGGTAGATGCGGAG 435  
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluLeuAlaArgLeuGluAlaGlu 473  
436 CGTTTCGCCATCTTCGTAATGGGATGGACACCAATCCGCTGGCTGCCGA 485  
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490  
486 CCCTACGTCATCATCAAGAGCCGCCGAGACTTCAAACGCGGCTGT 535  
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501  
536 TGTATTGAGCGCGCTGACCGAAGCTGATAAATCCATGTGTGTAAGCAGCA 585  
501 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys..... 508  
586 GCGCGACAGTCGCGCTGAAATGCTGCAATATCGAAACACATGAAT 635  
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522  
636 TGGCGGCGCGCATCTGCGCGCTTGAGTGGCAGCGCACATTCATTTCATCG 685  
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530  
686 AGCAGTCGCGCGCAATAAAACCGTGTGACCATCAATATCAAGACGTG 735  
530 luLysIle.....LeuGlnTyrArgGluLeu 538  
736 ATTGCTATCGGAGCTTTGTCGTA..... 759  
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555  
760 ...ACAGCGCGCTCTGAATACC.....GAGCGCGTGTGCTTGG 796  
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572  
797 GCGGCTGCAAGTCACAACAAACCGCGCTC.....TTGCGTACC 834  
572 lyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588  
835 GTTTTGGTGCGAAGTGCTCAACTTACCGCGCGGAA..... 873  
589 ProLeuGlyGluArgIleArgArgAlaPheIleAlaGluGluGlyTrpLe 605  
874 TTGTTGACGGCGCAACCGCGTGTGTTTCCGGTTCGGTATTGAACGGTG 922  
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619  
923 CGATTGCAAGCGCGCATGATTATTGAGCAGCTACCAACATCAGATT 972  
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629  
973 TCCGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAAGAGTGTTCGGCTGGGT 1016  
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 646  
1017 TGGCGCGCGAGCGG 1029







us-09-303-518d-131.rai

Mon Jul 1 09:25:34 2002

```

760 ....ACAGCGCTCTGAATACC.....GAGCGGTGGTTCCTTGG 796
|||||
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrG 572
|||||
797 GCGGCTGCAAGTCAACAACCGCCCTC.....TTCCGTACC 834
|||
572 LyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
|||||
835 GTTTTGGGTGCCAAGGTGTCTCAACTTACCGCGCGGAA..... 873
|||||
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGlyTyrLe 605
|||||
874 .TTGGTTGACGGGACACCGCGTGATTTCGGTTCCGGTATTGAACGGTG 922
|||||
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
|||||
923 CGATTGCACAAGCGCGGATGATTATTGGGACGCTACACATCAGATT 972
|||||
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
|||||
973 TCCGTTATCGAAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTCCGGCTGGGT 1016
|||||
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTyrMe 646
|||||
1017 TGCGCCGCGACCG 1029
:
646 tPheGlyValPro 650

```